

**VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT
AM DEM GEBIET DES PATENTWESENS**

PCT

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

(Artikel 18 sowie Regeln 43 und 44 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts PCT 1220 - 01966/pau	WEITERES VORGEHEN	siehe Mitteilung über die Übermittlung des internationalen Recherchenberichts (Formblatt PCT/ISA/220) sowie, soweit zutreffend, nachstehender Punkt 5
Internationales Aktenzeichen PCT/EP 00/08129	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 21/08/2000	(Frühestes) Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 20/08/1999
Anmelder BIOSYN ARZNEIMITTEL GMBH		

Dieser internationale Recherchenbericht wurde von der Internationalen Recherchenbehörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 18 übermittelt. Eine Kopie wird dem Internationalen Büro übermittelt.

Dieser internationale Recherchenbericht umfaßt insgesamt 8 Blätter.

☒ Darüber hinaus liegt ihm jeweils eine Kopie der in diesem Bericht genannten Unterlagen zum Stand der Technik bei.

1. Grundlage des Berichts

- a. Hinsichtlich der **Sprache** ist die internationale Recherche auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der Sprache durchgeführt worden, in der sie eingereicht wurde, sofern unter diesem Punkt nichts anderes angegeben ist.

☐ Die internationale Recherche ist auf der Grundlage einer bei der Behörde eingereichten Übersetzung der internationalen Anmeldung (Regel 23.1 b)) durchgeführt worden.

- b. Hinsichtlich der in der internationalen Anmeldung offenbarten **Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz** ist die internationale Recherche auf der Grundlage des Sequenzprotokolls durchgeführt worden, das

☒ in der internationalen Anmeldung in schriftlicher Form enthalten ist.

☐ zusammen mit der internationalen Anmeldung in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in schriftlicher Form eingereicht worden ist.

☒ bei der Behörde nachträglich in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☒ Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.

☒ Die Erklärung, daß die in computerlesbarer Form erfaßten Informationen dem schriftlichen Sequenzprotokoll entsprechen, wurde vorgelegt.

2. ☐ Bestimmte Ansprüche haben sich als nicht recherchierbar erwiesen (siehe Feld I).

3. ☒ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung (siehe Feld II).

4. Hinsichtlich der **Bezeichnung der Erfindung**

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut von der Behörde wie folgt festgesetzt:

5. Hinsichtlich der **Zusammenfassung**

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut nach Regel 38.2b) in der in Feld III angegebenen Fassung von der Behörde festgesetzt. Der Anmelder kann der Behörde innerhalb eines Monats nach dem Datum der Absendung dieses internationalen Recherchenberichts eine Stellungnahme vorlegen.

6. Folgende Abbildung der **Zeichnungen** ist mit der Zusammenfassung zu veröffentlichen: Abb. Nr. _____

☐ wie vom Anmelder vorgeschlagen

☐ weil der Anmelder selbst keine Abbildung vorgeschlagen hat.

☐ weil diese Abbildung die Erfindung besser kennzeichnet.

☐ keine der Abb.

EP 00/08129

IPK 7 C07K14/00 A61K39/00 C12N15/00

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	<p>✓ WO 94 11019 A (ZONAGEN INC) 26. Mai 1994 (1994-05-26) das ganze Dokument</p> <p>---</p>	1-48
X	<p>✓ US 5 831 033 A (BAO LERE ET AL) 3. November 1998 (1998-11-03) Spalte 7, Zeile 56 -Spalte 17, Zeile 47</p> <p>---</p>	1-48
X	<p>✓ SWERDLOW RICHARD D ET AL: "Keyhole limpet hemocyanin: Structural and functional characterization of two different subunits and multimers." COMPARATIVE BIOCHEMISTRY AND PHYSIOLOGY B, Bd. 113, Nr. 3, 1996, Seiten 537-548, XP000900921 ISSN: 0305-0491 das ganze Dokument</p> <p>---</p>	1-48
A	<p>✓ HAMILTON J V ET AL: "Periodate-sensitive immunological cross-reactivity between keyhole limpet haemocyanin (KLH) and serodiagnostic Schistosoma mansoni egg antigens." PARASITOLOGY, Bd. 118, Nr. 1, Januar 1999 (1999-01), Seiten 83-89, XP000912289 ISSN: 0031-1820 das ganze Dokument</p> <p>---</p>	1-44
A	<p>✓ MILLER KAREN I ET AL: "Sequence of the Octopus dofleini hemocyanin subunit: Structural and evolutionary implications." JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY, Bd. 278, Nr. 4, 15. Mai 1998 (1998-05-15), Seiten 827-842, XP002164204 ISSN: 0022-2836 das ganze Dokument</p> <p>---</p>	1-48
X,P	<p>✓ STOEVA STANKA ET AL: "Primary structure and unusual carbohydrate moiety of functional unit 2-c of keyhole limpet hemocyanin (KLH)." BIOCHIMICA ET BIOPHYSICA ACTA, Bd. 1435, Nr. 1-2, 16. November 1999 (1999-11-16), Seiten 94-109, XP000937695 ISSN: 0006-3002 das ganze Dokument insbesondere Absätze 2.6, 3.1, Tabelle 1, Abbildungen 1, 3.</p> <p>---</p>	1-48

-/--

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X,P ✓	<p>GEBAUER WOLFGANG ET AL: "Keyhole limpet hemocyanin type 2 (KLH2): Detection and immunolocalization of a labile functional unit h."</p> <p>JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY., Bd. 128, Nr. 3, 30. Dezember 1999 (1999-12-30), Seiten 280-286, XP000937601 ISSN: 1047-8477 das ganze Dokument insbesondere Tabelle 1.</p> <p>---</p>	1-48
A ✓	<p>HARRIS J ROBIN ET AL: "Immunoelectron microscopy of hemocyanin from the keyhole limpet (Megathura crenulata): A parallel subunit model."</p> <p>JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY, Bd. 111, Nr. 2, 1993, Seiten 96-104, XP000900919 ISSN: 1047-8477 das ganze Dokument</p> <p>---</p>	1-48
T ✓	<p>CARRERA M ROCIO A ET AL: "Cocaine vaccines: Antibody protection against relapse in a rat model."</p> <p>PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES, Bd. 97, Nr. 11, 23. Mai 2000 (2000-05-23), Seiten 6202-6206, XP002148844 May 23, 2000 ISSN: 0027-8424 das ganze Dokument</p> <p>---</p>	38-42
X ✓	<p>SOEHNGEN SABINE M ET AL: "Mass determination, subunit organization and control of oligomerization states of keyhole limpet hemocyanin (KLH)."</p> <p>EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, Bd. 248, Nr. 2, 1997, Seiten 602-614, XP000912288 ISSN: 0014-2956 in der Anmeldung erwähnt das ganze Dokument insbesondere Tab.3.</p> <p>---</p>	1-48
X ✓	<p>CARRERA M ROCIO A ET AL: "Suppression of psychoactive effects of cocaine by active immunization."</p> <p>NATURE (LONDON), Bd. 378, Nr. 6558, 1995, Seiten 727-730, XP000946580 ISSN: 0028-0836 das ganze Dokument</p> <p>---</p>	38-42

-/--

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X,P	<p>LIEB BERNHARD ET AL: "The sequence of a gastropod hemocyanin (Hth1 from Haliotis tuberculata)."</p> <p>JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 275, Nr. 8, 25. Februar 2000 (2000-02-25), Seiten 5675-5681, XP000946778</p> <p>ISSN: 0021-9258</p> <p>das ganze Dokument</p> <p>----</p>	1-48
X,P	<p>LIEB BERNHARD ET AL: "Subunit organization of the abalone Haliotis tuberculata hemocyanin type 2 (Hth2), and the cDNA sequence encoding its functional units d, e, f, g and h."</p> <p>EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, Bd. 265, Nr. 1, Oktober 1999 (1999-10), Seiten 134-144, XP000952187</p> <p>ISSN: 0014-2956</p> <p>das ganze Dokument</p> <p>----</p>	1-48
X	<p>KELLER HENNING ET AL: "Abalone (Haliotis tuberculata) hemocyanin type 1 (Hth1): Organization of the approx 400 kDa subunit, and amino acid sequence of its functional units f, g and h."</p> <p>EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, Bd. 264, Nr. 1, August 1999 (1999-08), Seiten 27-38, XP000952186</p> <p>ISSN: 0014-2956</p> <p>das ganze Dokument</p> <p>----</p>	1-48
A	<p>DREXEL R ET AL: "COMPLETE AMINO ACID SEQUENCE OF A FUNCTIONAL UNIT FROM A MOLLUSCAN HEMOCYANIN HELIX-POMATIA"</p> <p>BIOLOGICAL CHEMISTRY HOPPE-SEYLER, Bd. 368, Nr. 6, 1987, Seiten 617-636, XP000997484</p> <p>ISSN: 0177-3593</p> <p>das ganze Dokument</p> <p>----</p>	1-48
T	<p>LIEB BERNHARD ET AL: "Structures of two molluscan hemocyanin genes: Significance for gene evolution."</p> <p>PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES, Bd. 98, Nr. 8, 10. April 2001 (2001-04-10), Seiten 4546-4551, XP002190023</p> <p>April 10, 2001</p> <p>ISSN: 0027-8424</p> <p>-----</p>	1-48

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Hämocyanin-Domäne aus *Haliotis tuberculata*, HtH1, oder ein funktionelles Fragment davon mit den immunologischen Eigenschaften von wenigstens einer Domäne eines Hämocyanins HtH1, deren Polypeptidsequenz die aus Seq.Id.Nr.25-32 des Sequenzverzeichnisses ausgewählt ist; deren kodierenden Nukleinsäuresequenzen Seq.Id.Nr.1-8, und mindestens eine Intronsequenz, die aus die Seq.Id.Nr. 109.-155 gewählt ist. Verwendung der obigen Sequenzen bei der Herstellung von pharmazeutischen Zusammensetzungen, sowie deren Verwendungen in therapeutischen Behandlungen gegen geschwulstverwandten Krankheiten, Infektionen, Pathologien aus Kokain-Missbrauch.

2. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Ebensowie Erfindung 1, bezogen auf Hämocyanin HtH2 aus *Haliotis tuberculata*, mit Aminosäure- (aa) und deren codierenden Nukleinsäuresequenzen (DNA), umfassend jeweils eine von Seq.Id.Nr.33-39 (aa) und 9-15 (DNA) ausgewählte Sequenz.

3. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Ebensowie Erfindung 1, bezogen auf Hämocyanin KLH1 aus *Megathura crenulata*, mit Aminosäure- (aa) und deren codierenden Nukleinsäuresequenzen (DNA), umfassend jeweils eine von Seq.Id.Nr.40-43 (aa) und 16-19 (DNA) ausgewählte Sequenz.

4. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Ebensowie Erfindung 1, bezogen auf Hämocyanin KLH2 aus *Megathura crenulata*, mit Aminosäure- (aa) und deren codierenden Nukleinsäuresequenzen (DNA), Sequenzen, umfassend jeweils eine von Seq.Id.Nr. 44-48 (aa) und 20-24 (DNA) ausgewählte Sequenz.

5. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Ebensowie Erfindung 1, bezogen auf Hämocyanin HtH1 aus *Haliotis tuberculata*, mit Aminosäuresequenzen (aa) und deren codierenden Nukleinsäuresequenzen (DNA), umfassend jeweils eine von Seq.Id.Nr.63, 64 (aa) und 49 (DNA) ausgewählte Sequenz.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

6. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Ebensowie Erfindung 1, bezogen auf Hämocyanin HtH2 aus *Haliotis tuberculata*, mit Aminosäuresequenzen und derencodierenden Nukleinsäuresequenzen, umfassend jeweils eine von Seq.Id.Nr. 65-68 und 156 (aa) und 50-53 (DNA) ausgewählte Sequenz.

7. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Ebensowie Erfindung 1, bezogen auf Hämocyanin KLH1 aus *Megathura crenulata*, mit Aminosäuresequenzen und derencodierenden Nukleinsäuresequenzen, umfassend jeweils eine von Seq.Id.Nr. 69-73 (aa) und 54-56, 96-101 (DNA) ausgewählte Sequenz.

8. Ansprüche: 1-48 (teilweise)

Ebensowie Erfindung 1, bezogen auf Hämocyanin KLH2 aus *Megathura crenulata*, mit Aminosäuresequenzen und derencodierenden Nukleinsäuresequenzen (aa) und Nukleinsäuresequenzen (DNA), umfassend eine von Seq.Id.Nr. 74-79 und 158 (aa), und 57-62, 102-108 (DNA) ausgewählte Sequenz.

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich _____
2. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich _____
3. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgetaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

Aufgrund des Ergebnisses der vorläufigen Überprüfung
gemäß Regel 40.2(e) PCT sind keine zusätzlichen Gebühren zu erstatten.

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☒ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr. _____
1-48 (teilweise, bezüglich Gruppen 1, 3, 7 und 8 wie auf Formular 210 definiert)
4. ☐ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt: _____

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☒ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen der selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

/EP 00/08129

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 0621039 A	26-10-1994	US 5407912 A	18-04-1995
		AU 681872 B2	11-09-1997
		AU 6051994 A	20-10-1994
		CA 2121296 A1	20-10-1994
		EP 0621039 A1	26-10-1994
		FI 941725 A	20-10-1994
		JP 7101875 A	18-04-1995
		US 5981476 A	09-11-1999
		US 5855919 A	05-01-1999
EP 0252829 A	13-01-1988	FR 2601021 A2	08-01-1988
		AU 7528087 A	08-12-1988
		DK 347987 A	08-01-1988
		EP 0252829 A1	13-01-1988
		JP 1139533 A	01-06-1989
		OA 8630 A	30-11-1988
		PT 85278 A ,B	01-08-1987
		US 5021560 A	04-06-1991
		ZA 8704920 A	27-04-1988
US 5888775 A	30-03-1999	AT 171217 T	15-10-1998
		AU 696349 B2	10-09-1998
		AU 2371195 A	29-11-1995
		CA 2165413 A1	30-10-1995
		DE 69504795 D1	22-10-1998
		DE 69504795 T2	12-05-1999
		EP 0706574 A	17-04-1996
		JP 8512210 T	24-12-1996
		WO 9530016 A1	09-11-1995
		US 5763284 A	09-06-1998
EP 0244295 A	04-11-1987	FR 2598147 A1	06-11-1987
		AU 7185387 A	05-11-1987
		DE 244295 T1	13-10-1988
		DK 219787 A	31-10-1987
		EP 0244295 A1	04-11-1987
		JP 63039888 A	20-02-1988
		PT 84788 A ,B	01-05-1987
WO 9411019 A	26-05-1994	CN 1110177 A	18-10-1995
		AU 675269 B2	30-01-1997
		AU 5680094 A	08-06-1994
		CA 2127531 A1	26-05-1994
		EP 0634936 A1	25-01-1995
		JP 7503142 T	06-04-1995
		WO 9411019 A1	26-05-1994
		US 6027727 A	22-02-2000
		US 6001599 A	14-12-1999
		US 5989550 A	23-11-1999
		US 5976545 A	02-11-1999
		US 5981228 A	09-11-1999
		US 5837497 A	17-11-1998
US 5831033 A	03-11-1998	US 5721337 A	24-02-1998
		US 6017717 A	25-01-2000
		US 6300479 B1	09-10-2001

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

/EP 00/08129

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C07K14/00 A61K39/00 C12N15/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

SEQUENCE SEARCH, EPO-Internal, WPI Data, BIOSIS

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	EP 0 621 039 A (AKZO NOBEL NV) 26 October 1994 (1994-10-26) the whole document ---	1-48
A	EP 0 252 829 A (PASTEUR INSTITUT ; PASTEUR INSTITUT (FR); INST NAT SANTE RECH MED () 13 January 1988 (1988-01-13) the whole document ---	1-48
X	US 5 888 775 A (CHAVAILLAZ PIERRE-ANDRE ET AL) 30 March 1999 (1999-03-30) abstract column 8, line 45 - line 59 ---	1-48
A	EP 0 244 295 A (PASTEUR INSTITUT ; PASTEUR INSTITUT (FR); INST NAT SANTE RECH MED () 4 November 1987 (1987-11-04) the whole document ---	1-48
-/-		



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

A document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

E earlier document but published on or after the international filing date

L document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

O document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

P document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

** document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

g document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

21 February 2002

Date of mailing of the international search report

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel: (+31-70) 340-2940, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Panzica, G

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

EP 00/08129

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 94 11019 A (ZONAGEN INC) 26 May 1994 (1994-05-26) the whole document ---	1-48
X	US 5 831 033 A (BAO LERE ET AL) 3 November 1998 (1998-11-03) column 7, line 56 -column 17, line 47 ---	1-48
X	SWERDLOW RICHARD D ET AL: "Keyhole limpet hemocyanin: Structural and functional characterization of two different subunits and multimers." COMPARATIVE BIOCHEMISTRY AND PHYSIOLOGY B, vol. 113, no. 3, 1996, pages 537-548, XP000900921 ISSN: 0305-0491 the whole document ---	1-48
A	HAMILTON J V ET AL: "Periodate-sensitive immunological cross-reactivity between keyhole limpet haemocyanin (KLH) and serodiagnostic Schistosoma mansoni egg antigens." PARASITOLOGY, vol. 118, no. 1, January 1999 (1999-01), pages 83-89, XP000912289 ISSN: 0031-1820 the whole document ---	1-44
A	MILLER KAREN I ET AL: "Sequence of the Octopus dofleini hemocyanin subunit: Structural and evolutionary implications." JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY, vol. 278, no. 4, 15 May 1998 (1998-05-15), pages 827-842, XP002164204 ISSN: 0022-2836 the whole document ---	1-48
X,P	STOEVA STANKA ET AL: "Primary structure and unusual carbohydrate moiety of functional unit 2-c of keyhole limpet hemocyanin (KLH)." BIOCHIMICA ET BIOPHYSICA ACTA, vol. 1435, no. 1-2, 16 November 1999 (1999-11-16), pages 94-109, XP000937695 ISSN: 0006-3002 the whole document insbesondere Absätze 2.6, 3.1, Tabelle 1, Abbildungen 1, 3. --- -/--	1-48

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

EP 00/08129

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X,P	<p>GEBAUER WOLFGANG ET AL: "Keyhole limpet hemocyanin type 2 (KLH2): Detection and immunolocalization of a labile functional unit h."</p> <p>JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY., vol. 128, no. 3, 30 December 1999 (1999-12-30), pages 280-286, XP000937601 ISSN: 1047-8477 the whole document insbesondere Tabelle 1.</p> <p>---</p>	1-48
A	<p>HARRIS J ROBIN ET AL: "Immunoelectron microscopy of hemocyanin from the keyhole limpet (Megathura crenulata): A parallel subunit model."</p> <p>JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY, vol. 111, no. 2, 1993, pages 96-104, XP000900919 ISSN: 1047-8477 the whole document</p> <p>---</p>	1-48
T	<p>CARRERA M ROCIO A ET AL: "Cocaine vaccines: Antibody protection against relapse in a rat model."</p> <p>PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES, vol. 97, no. 11, 23 May 2000 (2000-05-23), pages 6202-6206, XP002148844 May 23, 2000 ISSN: 0027-8424 the whole document</p> <p>---</p>	38-42
X	<p>SOEHNGEN SABINE M ET AL: "Mass determination, subunit organization and control of oligomerization states of keyhole limpet hemocyanin (KLH)."</p> <p>EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, vol. 248, no. 2, 1997, pages 602-614, XP000912288 ISSN: 0014-2956 cited in the application the whole document Insbesondere Tab.3.</p> <p>---</p>	1-48
X	<p>CARRERA M ROCIO A ET AL: "Suppression of psychoactive effects of cocaine by active immunization."</p> <p>NATURE (LONDON), vol. 378, no. 6558, 1995, pages 727-730, XP000946580 ISSN: 0028-0836 the whole document</p> <p>---</p>	38-42

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

/EP 00/08129

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X,P	LIEB BERNHARD ET AL: "The sequence of a gastropod hemocyanin (Hth1 from Haliotis tuberculata)." JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 275, no. 8, 25 February 2000 (2000-02-25), pages 5675-5681, XP000946778 ISSN: 0021-9258 the whole document ---	1-48
X,P	LIEB BERNHARD ET AL: "Subunit organization of the abalone Haliotis tuberculata hemocyanin type 2 (Hth2), and the cDNA sequence encoding its functional units d, e, f, g and h." EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, vol. 265, no. 1, October 1999 (1999-10), pages 134-144, XP000952187 ISSN: 0014-2956 the whole document ---	1-48
X	KELLER HENNING ET AL: "Abalone (Haliotis tuberculata) hemocyanin type 1 (Hth1): Organization of the approx 400 kDa subunit, and amino acid sequence of its functional units f, g and h." EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, vol. 264, no. 1, August 1999 (1999-08), pages 27-38, XP000952186 ISSN: 0014-2956 the whole document ---	1-48
A	DREXEL R ET AL: "COMPLETE AMINO ACID SEQUENCE OF A FUNCTIONAL UNIT FROM A MOLLUSCAN HEMOCYANIN HELIX-POMATIA" BIOLOGICAL CHEMISTRY HOPPE-SEYLER, vol. 368, no. 6, 1987, pages 617-636, XP000997484 ISSN: 0177-3593 the whole document ---	1-48
T	LIEB BERNHARD ET AL: "Structures of two molluscan hemocyanin genes: Significance for gene evolution." PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES, vol. 98, no. 8, 10 April 2001 (2001-04-10), pages 4546-4551, XP002190023 April 10, 2001 ISSN: 0027-8424 -----	1-48

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inf n on patent family members

International Application No

EP 00/08129

Patent document cited in search report		Publication date		Patent family member(s)	Publication date
EP 0621039	A	26-10-1994	US	5407912 A	18-04-1995
			AU	681872 B2	11-09-1997
			AU	6051994 A	20-10-1994
			CA	2121296 A1	20-10-1994
			EP	0621039 A1	26-10-1994
			FI	941725 A	20-10-1994
			JP	7101875 A	18-04-1995
			US	5981476 A	09-11-1999
			US	5855919 A	05-01-1999
EP 0252829	A	13-01-1988	FR	2601021 A2	08-01-1988
			AU	7528087 A	08-12-1988
			DK	347987 A	08-01-1988
			EP	0252829 A1	13-01-1988
			JP	1139533 A	01-06-1989
			OA	8630 A	30-11-1988
			PT	85278 A ,B	01-08-1987
			US	5021560 A	04-06-1991
			ZA	8704920 A	27-04-1988
US 5888775	A	30-03-1999	AT	171217 T	15-10-1998
			AU	696349 B2	10-09-1998
			AU	2371195 A	29-11-1995
			CA	2165413 A1	30-10-1995
			DE	69504795 D1	22-10-1998
			DE	69504795 T2	12-05-1999
			EP	0706574 A1	17-04-1996
			JP	8512210 T	24-12-1996
			WO	9530016 A1	09-11-1995
			US	5763284 A	09-06-1998
EP 0244295	A	04-11-1987	FR	2598147 A1	06-11-1987
			AU	7185387 A	05-11-1987
			DE	244295 T1	13-10-1988
			DK	219787 A	31-10-1987
			EP	0244295 A1	04-11-1987
			JP	63039888 A	20-02-1988
			PT	84788 A ,B	01-05-1987
WO 9411019	A	26-05-1994	CN	1110177 A	18-10-1995
			AU	675269 B2	30-01-1997
			AU	5680094 A	08-06-1994
			CA	2127531 A1	26-05-1994
			EP	0634936 A1	25-01-1995
			JP	7503142 T	06-04-1995
			WO	9411019 A1	26-05-1994
			US	6027727 A	22-02-2000
			US	6001599 A	14-12-1999
			US	5989550 A	23-11-1999
			US	5976545 A	02-11-1999
			US	5981228 A	09-11-1999
			US	5837497 A	17-11-1998
US 5831033	A	03-11-1998	US	5721337 A	24-02-1998
			US	6017717 A	25-01-2000
			US	6300479 B1	09-10-2001

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

NOTIFICATION OF ELECTION

(PCT Rule 61.2)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

Commissioner
 US Department of Commerce
 United States Patent and Trademark
 Office, PCT
 2011 South Clark Place Room
 CP2/5C24
 Arlington, VA 22202
 ETATS-UNIS D'AMERIQUE
 in its capacity as elected Office

Date of mailing (day/month/year) 18 June 2001 (18.06.01)	
International application No. PCT/EP00/08129	Applicant's or agent's file reference PCT 1220 - 01966/pau
International filing date (day/month/year) 21 August 2000 (21.08.00)	Priority date (day/month/year) 20 August 1999 (20.08.99)
Applicant MARKL, Jürgen et al	

1. The designated Office is hereby notified of its election made:

☒ in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:
 15 March 2001 (15.03.01)

☐ in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:

2. The election ☒ was

☐ was not

made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland	Authorized officer Charlotte ENGER
Facsimile No.: (41-22) 740.14.35	Telephone No.: (41-22) 338.83.38

PCT**ANTRAG**

Der Unterzeichnete beantragt, daß die vorliegende internationale Anmeldung nach dem Vertrag über die internationale Zusammenarbeit auf dem Gebiet des Patentwesens behandelt wird.

Vom Anmeldeamt auszufüllen

PCT/EP 00 / 08 12 9

Internationales Aktenzeichen

21 AUG 2000

Internationales Anmeldedatum

21.08.2000

EUROPEAN PATENT OFFICE**PCT INTERNATIONAL APPLICATION**

Name des Anmeldeamts und "PCT International Application"

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts (falls gewünscht)
(max. 12 Zeichen) PCT 1220 - 01966/pau**Feld Nr. I BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG**

Nukleinsäuremolekül, umfassend eine für ein
Hämocyanin kodierende Nukleinsäuresequenz und mindestens eine Intronsequenz

Feld Nr. II ANMELDER

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname: bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)

BIOSYN ARZNEIMITTEL GMBH
SCHORNDORFER STR. 32

70734 FELLBACH
DE

☐ Diese Person ist
gleichzeitig Erfinder

Telefonnr.:

Telefaxnr.:

Fernschreibnr.:

Staatsangehörigkeit (Staat):

DE

Sitz oder Wohnsitz (Staat):

DE

Diese Person ist Anmel-
der für folgende Staaten:☐ alle Bestim-
mungsstaaten☒ alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme
der Vereinigten Staaten von Amerika☐ nur die Vereinigten
Staaten von Amerika☐ die im Zusatzfeld
angegebenen Staaten**Feld Nr. III WEITERE ANMELDER UND/ODER (WEITERE) ERFINDER**

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname: bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)

Markl, Jürgen
An der Mahisteig 12

55296 Gau-Bischofsheim
DE

Diese Person ist:

☐ nur Anmelder☒ Anmelder und Erfinder

☐ nur Erfinder (Wird dieses Kästchen
ungekreuzt, so sind die nachstehenden
Angaben nicht nötig.)

Staatsangehörigkeit (Staat):

DE

Sitz oder Wohnsitz (Staat):

DE

Diese Person ist Anmel-
der für folgende Staaten:☐ alle Bestim-
mungsstaaten☐ alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme
der Vereinigten Staaten von Amerika☒ nur die Vereinigten
Staaten von Amerika☐ die im Zusatzfeld
angegebenen Staaten☒ Weitere Anmelder und/oder (weitere) Erfinder sind auf einem Fortsetzungsblatt angegeben.**Feld Nr. IV ANWALT ODER GEMEINSAMER VERTRETER; ODER ZUSTELLANSCHRIFT**

Die folgende Person wird hiermit bestellt/ist bestellt worden, um für den (die) Anmelder
vor den zuständigen internationalen Behörden in folgender Eigenschaft zu handeln als:

☒ Anwalt☐ gemeinsamer
Vertreter

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname: bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben.)

Grünecker, Kinkeldey, Stockmair & Schwanhäusser
Maximilianstr. 58
80538 München
DE

Telefonnr.:

089/212 35-0

Telefaxnr.:

089/ 22 02 87

Fernschreibnr.:

05-29380 MONA D

☐ Zustellanschrift: Dieses Kästchen ist anzukreuzen, wenn kein Anwalt oder gemeinsamer Vertreter bestellt ist und statt dessen im obigen Feld eine spezielle Zustellanschrift angegeben ist.

Blatt Nr. 2

Fortsetzung von Feld Nr. III WEITERE ANMELDER UND/ODER (WEITERE) ERFINDER	
<i>Wird keines der folgenden Felder benutzt, so sollte dieses Blatt dem Antrag nicht beigelegt werden.</i>	
Name und Anschrift: (Familienname, Vorname: bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.) Altenhein, Benjamin Elsässer Platz 7 65195 Wiesbaden DE	Diese Person ist: <input type="checkbox"/> nur Anmelder <input checked="" type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder <input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)
Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input checked="" type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten	
Name und Anschrift: (Familienname, Vorname: bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.) Lieb, Bernhard Konrad-Adenauer-Str. 27 55129 Mainz DE	Diese Person ist: <input type="checkbox"/> nur Anmelder <input checked="" type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder <input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)
Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input checked="" type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten	
Name und Anschrift: (Familienname, Vorname: bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.) Stiefel, Thomas Steinkopfstr. 22 70184 Stuttgart DE	Diese Person ist: <input type="checkbox"/> nur Anmelder <input checked="" type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder <input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)
Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input checked="" type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten	
Name und Anschrift: (Familienname, Vorname: bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.) 	Diese Person ist: <input type="checkbox"/> nur Anmelder <input type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder <input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)
Staatsangehörigkeit (Staat):	Sitz oder Wohnsitz (Staat):
Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten	
<input type="checkbox"/> Weitere Anmelder und/oder (weitere) Erfinder sind auf einem zusätzlichen Fortsetzungsblatt angegeben.	

Feld Nr. V BESTIMMUNG VON STAATEN

Die folgenden Bestimmungen nach Regel 4.9 Absatz a werden hiermit vorgenommen (bitte die entsprechenden Kästchen ankreuzen; wenigstens ein Kästchen muß angekreuzt werden):

Regionales Patent

- ☒ AP ARIPO-Patent: GH Ghana, GM Gambia, KE Kenia, LS Lesotho, MW Malawi, MZ Mosambik, SD Sudan, SL Sierra Leone, SZ Swasiland, TZ Vereinigte Republik Tansania, UG Uganda, ZW Simbabwe und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Harare-Protokolls und des PCT ist
- ☒ EA Eurasisches Patent: AM Armenien, AZ Aserbaidschan, BY Belarus, KG Kirgisistan, KZ Kasachstan, MD Republik Moldau, RU Russische Föderation, TJ Tadschikistan, TM Turkmenistan und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Eurasischen Patentübereinkommens und des PCT ist
- ☒ EP Europäisches Patent: AT Österreich, BE Belgien, CH und LI Schweiz und Liechtenstein, CY Zypern, DE Deutschland, DK Dänemark, ES Spanien, FI Finnland, FR Frankreich, GB Vereinigtes Königreich, GR Griechenland, IE Irland, IT Italien, LU Luxemburg, MC Monaco, NL Niederlande, PT Portugal, SE Schweden und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Europäischen Patentübereinkommens und des PCT ist
- ☒ OA OAPI-Patent: BF Burkina Faso, BJ Benin, CF Zentralafrikanische Republik, CG Kongo, CI Côte d'Ivoire, CM Kamerun, GA Gabun, GN Guinea, GW Guinea-Bissau, ML Mali, MR Mauretanien, NE Niger, SN Senegal, TD Tschad, TG Togo und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat der OAPI und des PCT ist (falls eine andere Schutzrechtsart oder ein sonstiges Verfahren gewünscht wird, bitte auf der gepunkteten Linie angeben)

Nationales Patent (falls eine andere Schutzrechtsart oder ein sonstiges Verfahren gewünscht wird, bitte auf der gepunkteten Linie angeben):

- | | |
|--|--|
| <input checked="" type="checkbox"/> AE Vereinigte Arabische Emirate | <input checked="" type="checkbox"/> LC Saint Lucia |
| <input checked="" type="checkbox"/> AG Antigua und Barbuda | <input checked="" type="checkbox"/> LK Sri Lanka |
| <input checked="" type="checkbox"/> AL Albanien | <input checked="" type="checkbox"/> LR Liberia |
| <input checked="" type="checkbox"/> AM Armenien | <input checked="" type="checkbox"/> LS Lesotho |
| <input checked="" type="checkbox"/> AT Österreich | <input checked="" type="checkbox"/> LT Litauen |
| <input checked="" type="checkbox"/> AU Australien | <input checked="" type="checkbox"/> LU Luxemburg |
| <input checked="" type="checkbox"/> AZ Aserbaidschan | <input checked="" type="checkbox"/> LV Lettland |
| <input checked="" type="checkbox"/> BA Bosnien-Herzegowina | <input checked="" type="checkbox"/> MA Marokko |
| <input checked="" type="checkbox"/> BB Barbados | <input checked="" type="checkbox"/> MD Republik Moldau |
| <input checked="" type="checkbox"/> BG Bulgarien | <input checked="" type="checkbox"/> MG Madagaskar |
| <input checked="" type="checkbox"/> BR Brasilien | <input checked="" type="checkbox"/> MK Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien |
| <input checked="" type="checkbox"/> BY Belarus | <input checked="" type="checkbox"/> MN Mongolei |
| <input checked="" type="checkbox"/> BZ Belize | <input checked="" type="checkbox"/> MW Malawi |
| <input checked="" type="checkbox"/> CA Kanada | <input checked="" type="checkbox"/> MX Mexiko |
| <input checked="" type="checkbox"/> CH und LI Schweiz und Liechtenstein | <input checked="" type="checkbox"/> MZ Mosambik |
| <input checked="" type="checkbox"/> CN China | <input checked="" type="checkbox"/> NO Norwegen |
| <input checked="" type="checkbox"/> CR Costa Rica | <input checked="" type="checkbox"/> NZ Neuseeland |
| <input checked="" type="checkbox"/> CU Kuba | <input checked="" type="checkbox"/> PL Polen |
| <input checked="" type="checkbox"/> CZ Tschechische Republik | <input checked="" type="checkbox"/> PT Portugal |
| <input checked="" type="checkbox"/> DE Deutschland | <input checked="" type="checkbox"/> RO Rumänien |
| <input checked="" type="checkbox"/> DK Dänemark | <input checked="" type="checkbox"/> RU Russische Föderation |
| <input checked="" type="checkbox"/> DM Dominica | <input checked="" type="checkbox"/> SD Sudan |
| <input checked="" type="checkbox"/> DZ Algerien | <input checked="" type="checkbox"/> SE Schweden |
| <input checked="" type="checkbox"/> EE Estland | <input checked="" type="checkbox"/> SG Singapur |
| <input checked="" type="checkbox"/> ES Spanien | <input checked="" type="checkbox"/> SI Slowenien |
| <input checked="" type="checkbox"/> FI Finnland | <input checked="" type="checkbox"/> SK Slowakei |
| <input checked="" type="checkbox"/> GB Vereinigtes Königreich | <input checked="" type="checkbox"/> SL Sierra Leone |
| <input checked="" type="checkbox"/> GD Grenada | <input checked="" type="checkbox"/> TJ Tadschikistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> GE Georgien | <input checked="" type="checkbox"/> TM Turkmenistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> GH Ghana | <input checked="" type="checkbox"/> TR Türkei |
| <input checked="" type="checkbox"/> GM Gambia | <input checked="" type="checkbox"/> TT Trinidad und Tobago |
| <input checked="" type="checkbox"/> HR Kroatien | <input checked="" type="checkbox"/> TZ Vereinigte Republik Tansania |
| <input checked="" type="checkbox"/> HU Ungarn | <input checked="" type="checkbox"/> UA Ukraine |
| <input checked="" type="checkbox"/> ID Indonesien | <input checked="" type="checkbox"/> UG Uganda |
| <input checked="" type="checkbox"/> IL Israel | <input checked="" type="checkbox"/> US Vereinigte Staaten von Amerika |
| <input checked="" type="checkbox"/> IN Indien | <input checked="" type="checkbox"/> UZ Usbekistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> IS Island | <input checked="" type="checkbox"/> VN Vietnam |
| <input checked="" type="checkbox"/> JP Japan | <input checked="" type="checkbox"/> YU Jugoslawien |
| <input checked="" type="checkbox"/> KE Kenia | <input checked="" type="checkbox"/> ZA Südafrika |
| <input checked="" type="checkbox"/> KG Kirgisistan | <input checked="" type="checkbox"/> ZW Simbabwe |
| <input checked="" type="checkbox"/> KP Demokratische Volksrepublik Korea | |
| <input checked="" type="checkbox"/> KR Republik Korea | Kästchen für die Bestimmung von Staaten, die dem PCT nach der Veröffentlichung dieses Formblatts beigetreten sind: |
| <input checked="" type="checkbox"/> KZ Kasachstan | <input type="checkbox"/> |

Erklärung bzgl. vorstehlicher Bestimmungen: Zusätzlich zu den oben genannten Bestimmungen nimmt der Anmelder nach Regel 4.9 Absatz b auch vor, anderen nach dem PCT zulässigen Bestimmungen vortritt Ausnahme der im Zusatzfeld genannten Bestimmungen, die von dieser Erklärung ausgenommen sind. Der Anmelder erklärt, daß diese zusätzlichen Bestimmungen unter dem Vorbehalt einer Bestätigung stehen und jede zusätzliche Bestimmung, die vor Ablauf von 15 Monaten ab dem Prioritätsdatum nicht bestätigt wurde, nach Ablauf dieser Frist als vom Anmelder zurückgenommen gilt. (Die Bestätigung (einschließlich der Gebühren) muß beim Anmeldeamt innerhalb der Frist von 15 Monaten eingehen.)

Blatt Nr. 4

Feld Nr. VI PRIORITÄTSANSPRUCH		<input type="checkbox"/> Weitere Prioritätsansprüche sind im Zusatzfeld angegeben.		
Anmeldedatum der früheren Anmeldung (Tag/Monat/Jahr)	Aktenzeichen der früheren Anmeldung	Ist die frühere Anmeldung eine:		
		nationale Anmeldung: Staat	regionale Anmeldung: regionales Amt	internationale Anmeldung: Anmeldeamt
Zeile (1) 20. August 1999 (20.08.1999)	199 39 578.0	DE		
Zeile (2)				
Zeile (3)				

☐ Das Anmeldeamt wird ersucht, eine beglaubigte Abschrift der oben in der (den) Zeile(n) _____ bezeichneten früheren Anmeldung(en) zu erstellen und dem internationalen Büro zu übermitteln (nur falls die frühere Anmeldung(en) bei dem Amt eingereicht worden ist(sind), das für die Zwecke dieser internationalen Anmeldung Anmeldeamt ist)

* Falls es sich bei der früheren Anmeldung um eine ARIPO-Anmeldung handelt, so muß in dem Zusatzfeld mindestens ein Staat angegeben werden, der Mitgliedstaat der Pariser Verbandsübereinkunft zum Schutz des gewerblichen Eigentums ist und für den die frühere Anmeldung eingereicht wurde.

Feld Nr. VII INTERNATIONALE RESEARCHENBEHÖRDE

Wahl der internationalen Researchenbehörde (ISA) (falls zwei oder mehr als zwei internationale Researchen-behördern für die Ausführung der internationalen Recherche zuständig sind, geben Sie die von Ihnen gewählte Behörde an; der Zweitnächststehen-Cadre kann benutzt werden):

ISA / EPA

Antrag auf Nutzung der Ergebnisse einer früheren Recherche; Bezugnahme auf diese frühere Recherche (falls eine frühere Recherche bei der internationalen Researchenbehörde beantragt und von ihr durchgeführt worden ist):

Datum (Tag/Monat/Jahr)

Aktenzeichen

Staat (oder regionales Amt)

Feld Nr. VIII KONTROLLISTE; EINREICHUNGSSPRACHE

Diese internationale Anmeldung enthält die folgende Anzahl von Blättern:

Antrag : 4

Beschreibung (ohne Sequenzprotokollteil) : 34

Ansprüche : 12

Zusammenfassung : 1

Zeichnungen : 44

Sequenzprotokollteil der Beschreibung : 88

Blattzahl insgesamt : 183

Abbildung der Zeichnungen, die mit der Zusammenfassung veröffentlicht werden soll (Nr.):

Dieser internationalen Anmeldung liegen die nachstehend angekreuzten Unterlagen bei:

- ☐ 1. Blatt für die Gebührenberechnung
- ☐ 2. Gesonderte unterzeichnete Vollmacht
- ☐ 3. Kopie der allgemeinen Vollmacht; Aktenzeichen (falls vorhanden):
- ☐ 4. Begründung für das Fehlen einer Unterschrift
- ☐ 5. Prioritätsbeleg(e), in Feld Nr. VI durch folgende Zeilennummer gekennzeichnet:
- ☐ 6. Übersetzung der internationalen Anmeldung in die folgende Sprache:
- ☐ 7. Gesonderte Angaben zu hinterlegten Mikroorganismen oder anderen biologischen Material
- ☐ 8. Protokoll der Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenzen in computerisierbarer Form
- ☐ 9. Sonstige (einzeln auflisten):

Sprache, in der die internationale Anmeldung eingereicht wird: deutsch

Feld Nr. IX UNTERSCHRIFT DES ANMELDERS ODER DES ANWALTS

Der Name jeder unterzeichnenden Person ist neben der Unterschrift zu wiederholen, und es ist anzugeben, sofern sich dies nicht eindeutig aus dem Antrag ergibt, in welcher Eigenschaft die Person unterzeichnet.

München, 21.08.2000

(Heike Vogelsang-Wenke)

Vom Anmeldeamt auszufüllen

1. Datum des tatsächlichen Eingangs dieser internationalen Anmeldung: (21. 08. 2000)	21 AUG 2000	2. Zeichnungen eingegangen: <input checked="" type="checkbox"/>
3. Geändertes Eingangsdatum aufgrund nachträglich, jedoch fristgerecht eingegangener Unterlagen oder Zeichnungen zur Vervollständigung dieser internationalen Anmeldung:		<input type="checkbox"/> nicht eingegangen:
4. Datum des fristgerechten Eingangs der angeforderten Richtigstellungen nach Artikel 11(2) PCT:		
5. Internationale Researchenbehörde (falls zwei oder mehr zuständig sind): ISA /	6. <input type="checkbox"/> Übermittlung des Rechercheexemplars bis zur Zahlung der Recherchegebühr aufgeschoben	

Vom Internationalen Büro auszufüllen

Datum des Eingangs des Aktenexemplars beim Internationalen Büro:

PCT

ANTRAG

Der Unterzeichnete beantragt, daß die vorliegende internationale Anmeldung nach dem Vertrag über die internationale Zusammenarbeit auf dem Gebiet des Patentwesens behandelt wird.

Vom Anmeldeamt auszufüllen
Internationales Aktenzeichen
Internationales Anmeldedatum
Name des Anmeldeamts und "PCT International Application"
Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts (falls gewünscht) (max. 12 Zeichen) PCT 1220 - 01966/pau

Feld Nr. I BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG	
Nukleinsäuremolekül, umfassend eine für ein Hämocyanin kodierende Nukleinsäuresequenz und mindestens eine Intronsequenz	
Feld Nr. II ANMELDER	
Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)	
BIOSYN ARZNEIMITTEL GMBH SCHORNDOERFER STR. 32 70734 FELLBACH DE	
<input type="checkbox"/> Diese Person ist gleichzeitig Erfinder	
Telefonnr.:	
Telefaxnr.:	
Fernschreibnr.:	
Staatsangehörigkeit (Staat):	Sitz oder Wohnsitz (Staat):
DE	DE
Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input checked="" type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten	
Feld Nr. III WEITERE ANMELDER UND/ODER (WEITERE) ERFINDER	
Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)	
Markl, Jürgen An der Mahlsteig 12 55296 Gau-Bischofsheim DE	
Diese Person ist: <input type="checkbox"/> nur Anmelder <input checked="" type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder <input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)	
Staatsangehörigkeit (Staat):	Sitz oder Wohnsitz (Staat):
DE	DE
Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input checked="" type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten	
<input checked="" type="checkbox"/> Weitere Anmelder und/oder (weitere) Erfinder sind auf einem Fortsetzungsblatt angegeben.	
Feld Nr. IV ANWALT ODER GEMEINSAMER VERTRETER; ODER ZUSTELLANSCHRIFT	
Die folgende Person wird hiermit bestellt/ist bestellt worden, um für den (die) Anmelder vor den zuständigen internationalen Behörden in folgender Eigenschaft zu handeln als: <input checked="" type="checkbox"/> Anwalt <input type="checkbox"/> gemeinsamer Vertreter	
Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben.)	
Grünecker, Kinkeldey, Stockmair & Schwanhäusser Maximilianstr. 58 80538 München DE	
Telefonnr.: 089/212 35-0	
Telefaxnr.: 089/ 22 02 87	
Fernschreibnr.: 05-29380 MONA D	
<input type="checkbox"/> Zustellanschrift: Dieses Kästchen ist anzukreuzen, wenn kein Anwalt oder gemeinsamer Vertreter bestellt ist und statt dessen im obigen Feld eine spezielle Zustellanschrift angegeben ist.	

Fortsetzung von Feld Nr. III WEITERE ANMELDER UND/ODER (WEITERE) ERFINDER	
<i>Wird keines der folgenden Felder benutzt, so sollte dieses Blatt dem Antrag nicht beigelegt werden.</i>	
<p>Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)</p> <p style="text-align: center;">Altenhein, Benjamin Elsässer Platz 7</p> <p style="text-align: center;">65195 Wiesbaden DE</p>	<p>Diese Person ist:</p> <p><input type="checkbox"/> nur Anmelder</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder</p> <p><input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)</p>
Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
<p>Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input checked="" type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten</p>	
<p>Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)</p> <p style="text-align: center;">Lieb, Bernhard Konrad-Adenauer-Str. 27</p> <p style="text-align: center;">55129 Mainz DE</p>	<p>Diese Person ist:</p> <p><input type="checkbox"/> nur Anmelder</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder</p> <p><input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)</p>
Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
<p>Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input checked="" type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten</p>	
<p>Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)</p> <p style="text-align: center;">Stiefel, Thomas Steinkopfstr. 22</p> <p style="text-align: center;">70184 Stuttgart DE</p>	<p>Diese Person ist:</p> <p><input type="checkbox"/> nur Anmelder</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder</p> <p><input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)</p>
Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
<p>Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input checked="" type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten</p>	
<p>Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben. Der in diesem Feld in der Anschrift angegebene Staat ist der Staat des Sitzes oder Wohnsitzes des Anmelders, sofern nachstehend kein Staat des Sitzes oder Wohnsitzes angegeben ist.)</p>	<p>Diese Person ist:</p> <p><input type="checkbox"/> nur Anmelder</p> <p><input type="checkbox"/> Anmelder und Erfinder</p> <p><input type="checkbox"/> nur Erfinder (Wird dieses Kästchen angekreuzt, so sind die nachstehenden Angaben nicht nötig.)</p>
Staatsangehörigkeit (Staat):	Sitz oder Wohnsitz (Staat):
<p>Diese Person ist Anmelder für folgende Staaten: <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten <input type="checkbox"/> alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme der Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> nur die Vereinigten Staaten von Amerika <input type="checkbox"/> die im Zusatzfeld angegebenen Staaten</p>	
<p><input type="checkbox"/> Weitere Anmelder und/oder (weitere) Erfinder sind auf einem zusätzlichen Fortsetzungsblatt angegeben.</p>	

Feld Nr. V BESTIMMUNG VON STAATEN

Die folgenden Bestimmungen nach Regel 4.9 Absatz a werden hiermit vorgenommen (bitte die entsprechenden Kästchen ankreuzen; wenigstens ein Kästchen muß angekreuzt werden):

Regionales Patent

- ☒ AP ARIPO-Patent: GH Ghana, GM Gambia, KE Kenia, LS Lesotho, MW Malawi, MZ Mosambik, SD Sudan, SL Sierra Leone, SZ Swasiland, TZ Vereinigte Republik Tansania, UG Uganda, ZW Simbabwe und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Harare-Protokolls und des PCT ist
- ☒ EA Eurasisches Patent: AM Armenien, AZ Aserbaidschan, BY Belarus, KG Kirgisistan, KZ Kasachstan, MD Republik Moldau, RU Russische Föderation, TJ Tadschikistan, TM Turkmenistan und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Eurasischen Patentübereinkommens und des PCT ist
- ☒ EP Europäisches Patent: AT Österreich, BE Belgien, CH und LI Schweiz und Liechtenstein, CY Zypern, DE Deutschland, DK Dänemark, ES Spanien, FI Finnland, FR Frankreich, GB Vereinigtes Königreich, GR Griechenland, IE Irland, IT Italien, LU Luxemburg, MC Monaco, NL Niederlande, PT Portugal, SE Schweden und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat des Europäischen Patentübereinkommens und des PCT ist
- ☒ OA OAPI-Patent: BF Burkina Faso, BJ Benin, CF Zentralafrikanische Republik, CG Kongo, CI Côte d'Ivoire, CM Kamerun, GA Gabun, GN Guinea, GW Guinea-Bissau, ML Mali, MR Mauretanien, NE Niger, SN Senegal, TD Tschad, TG Togo und jeder weitere Staat, der Vertragsstaat der OAPI und des PCT ist (falls eine andere Schutzrechtsart oder ein sonstiges Verfahren gewünscht wird, bitte auf der gepunkteten Linie angeben)

Nationales Patent (falls eine andere Schutzrechtsart oder ein sonstiges Verfahren gewünscht wird, bitte auf der gepunkteten Linie angeben):

- | | |
|--|--|
| <input checked="" type="checkbox"/> AE Vereinigte Arabische Emirate | <input checked="" type="checkbox"/> LC Saint Lucia |
| <input checked="" type="checkbox"/> AG Antigua und Barbuda | <input checked="" type="checkbox"/> LK Sri Lanka |
| <input checked="" type="checkbox"/> AL Albanien | <input checked="" type="checkbox"/> LR Liberia |
| <input checked="" type="checkbox"/> AM Armenien | <input checked="" type="checkbox"/> LS Lesotho |
| <input checked="" type="checkbox"/> AT Österreich | <input checked="" type="checkbox"/> LT Litauen |
| <input checked="" type="checkbox"/> AU Australien | <input checked="" type="checkbox"/> LU Luxemburg |
| <input checked="" type="checkbox"/> AZ Aserbaidschan | <input checked="" type="checkbox"/> LV Letland |
| <input checked="" type="checkbox"/> BA Bosnien-Herzegowina | <input checked="" type="checkbox"/> MA Marokko |
| <input checked="" type="checkbox"/> BB Barbados | <input checked="" type="checkbox"/> MD Republik Moldau |
| <input checked="" type="checkbox"/> BG Bulgarien | <input checked="" type="checkbox"/> MG Madagaskar |
| <input checked="" type="checkbox"/> BR Brasilien | <input checked="" type="checkbox"/> MK Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien |
| <input checked="" type="checkbox"/> BY Belarus | <input checked="" type="checkbox"/> MN Mongolei |
| <input checked="" type="checkbox"/> BZ Belize | <input checked="" type="checkbox"/> MW Malawi |
| <input checked="" type="checkbox"/> CA Kanada | <input checked="" type="checkbox"/> MX Mexiko |
| <input checked="" type="checkbox"/> CH und LI Schweiz und Liechtenstein | <input checked="" type="checkbox"/> MZ Mosambik |
| <input checked="" type="checkbox"/> CN China | <input checked="" type="checkbox"/> NO Norwegen |
| <input checked="" type="checkbox"/> CR Costa Rica | <input checked="" type="checkbox"/> NZ Neuseeland |
| <input checked="" type="checkbox"/> CU Kuba | <input checked="" type="checkbox"/> PL Polen |
| <input checked="" type="checkbox"/> CZ Tschechische Republik | <input checked="" type="checkbox"/> PT Portugal |
| <input checked="" type="checkbox"/> DE Deutschland | <input checked="" type="checkbox"/> RO Rumänien |
| <input checked="" type="checkbox"/> DK Dänemark | <input checked="" type="checkbox"/> RU Russische Föderation |
| <input checked="" type="checkbox"/> DM Dominica | <input checked="" type="checkbox"/> SD Sudan |
| <input checked="" type="checkbox"/> DZ Algerien | <input checked="" type="checkbox"/> SE Schweden |
| <input checked="" type="checkbox"/> EE Estland | <input checked="" type="checkbox"/> SG Singapur |
| <input checked="" type="checkbox"/> ES Spanien | <input checked="" type="checkbox"/> SI Slowenien |
| <input checked="" type="checkbox"/> FI Finnland | <input checked="" type="checkbox"/> SK Slowakei |
| <input checked="" type="checkbox"/> GB Vereinigtes Königreich | <input checked="" type="checkbox"/> SL Sierra Leone |
| <input checked="" type="checkbox"/> GD Grenada | <input checked="" type="checkbox"/> TJ Tadschikistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> GE Georgien | <input checked="" type="checkbox"/> TM Turkmenistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> GH Ghana | <input checked="" type="checkbox"/> TR Türkei |
| <input checked="" type="checkbox"/> GM Gambia | <input checked="" type="checkbox"/> TT Trinidad und Tobago |
| <input checked="" type="checkbox"/> HR Kroatien | <input checked="" type="checkbox"/> TZ Vereinigte Republik Tansania |
| <input checked="" type="checkbox"/> HU Ungarn | <input checked="" type="checkbox"/> UA Ukraine |
| <input checked="" type="checkbox"/> ID Indonesien | <input checked="" type="checkbox"/> UG Uganda |
| <input checked="" type="checkbox"/> IL Israel | <input checked="" type="checkbox"/> US Vereinigte Staaten von Amerika |
| <input checked="" type="checkbox"/> IN Indien | <input checked="" type="checkbox"/> UZ Usbekistan |
| <input checked="" type="checkbox"/> IS Island | <input checked="" type="checkbox"/> VN Vietnam |
| <input checked="" type="checkbox"/> JP Japan | <input checked="" type="checkbox"/> YU Jugoslawien |
| <input checked="" type="checkbox"/> KE Kenia | <input checked="" type="checkbox"/> ZA Südafrika |
| <input checked="" type="checkbox"/> KG Kirgisistan | <input checked="" type="checkbox"/> ZW Simbabwe |
| <input checked="" type="checkbox"/> KP Demokratische Volksrepublik Korea | |
| <input checked="" type="checkbox"/> KR Republik Korea | |
| <input checked="" type="checkbox"/> KZ Kasachstan | |

Kästchen für die Bestimmung von Staaten, die dem PCT nach der Veröffentlichung dieses Formblatts beigetreten sind:

Erklärung bzgl. vorsorglicher Bestimmungen: Zusätzlich zu den oben genannten Bestimmungen nimmt der Anmelder nach Regel 4.9 Absatz b auch alle anderen nach dem PCT zulässigen Bestimmungen vor mit Ausnahme der im Zusatzfeld genannten Bestimmungen, die von dieser Erklärung ausgenommen sind. Der Anmelder erklärt, daß diese zusätzlichen Bestimmungen unter dem Vorbehalt einer Bestätigung stehen und jede zusätzliche Bestimmung, die vor Ablauf von 15 Monaten ab dem Prioritätsdatum nicht bestätigt wurde, nach Ablauf dieser Frist als vom Anmelder zurückgenommen gilt. (Die Bestätigung (einschließlich der Gebühren) muß beim Anmeldeamt innerhalb der Frist von 15 Monaten eingehen.)

Feld Nr. VI PRIORITÄTSANSPRUCH		<input type="checkbox"/> Weitere Prioritätsansprüche sind im Zusatzfeld angegeben.		
Anmeldedatum der früheren Anmeldung (Tag/Monat/Jahr)	Aktenzeichen der früheren Anmeldung	Ist die frühere Anmeldung eine:		
		nationale Anmeldung: Staat	regionale Anmeldung: regionales Amt	internationale Anmeldung: Anmeldeamt
Zeile (1) 20. August 1999 (20.08.1999)	199 39 578.0	DE		
Zeile (2)				
Zeile (3)				

☐ Das Anmeldeamt wird ersucht, eine beglaubigte Abschrift der oben in der (den) Zeile(n) bezeichneten früheren Anmeldung(en) zu erstellen und dem internationalen Büro zu übermitteln (nur falls die frühere Anmeldung(en) bei dem Amt eingereicht worden ist(sind), das für die Zwecke dieser internationalen Anmeldung Anmeldeamt ist)

* Falls es sich bei der früheren Anmeldung um eine ARIPO-Anmeldung handelt, so muß in dem Zusatzfeld mindestens ein Staat angegeben werden, der Mitgliedstaat der Pariser Verbandsübereinkunft zum Schutz des gewerblichen Eigentums ist und für den die frühere Anmeldung eingereicht wurde.

Feld Nr. VII INTERNATIONALE RESEARCHENBEHÖRDE

Wahl der internationalen Researchenbehörde (ISA) (falls zwei oder mehr als zwei internationale Researchenbehörden für die Ausführung der internationalen Recherche zuständig sind, geben Sie die von Ihnen gewählte Behörde an; der Zweifelschluß-Code kann benutzt werden):

Antrag auf Nutzung der Ergebnisse einer früheren Recherche; Bezugnahme auf diese frühere Recherche (falls eine frühere Recherche bei der internationalen Researchenbehörde beantragt oder von ihr durchgeführt worden ist):

ISA / EPA

Datum (Tag/Monat/Jahr) Aktenzeichen Staat (oder regionales Amt)

Feld Nr. VIII KONTROLLISTE: EINREICHUNGSSPRACHE

Diese internationale Anmeldung enthält die folgende Anzahl von Blättern:

Antrag : 4
Beschreibung (ohne Sequenzprotokollteil) : 34
Ansprüche : 12
Zusammenfassung : 1
Zeichnungen : 44
Sequenzprotokollteil der Beschreibung : 88
Blattzahl insgesamt : 183

- ☐ Blatt für die Gebührenberechnung
- ☐ Gesonderte unterzeichnete Vollmacht
- ☐ Kopie der allgemeinen Vollmacht; Aktenzeichen (falls vorhanden):
- ☐ Begründung für das Fehlen einer Unterschrift
- ☐ Prioritätsbelege, in Feld Nr. VI durch folgende Zeilennummer gekennzeichnet:
- ☐ Übersetzung der internationalen Anmeldung in die folgende Sprache:
- ☐ Gesonderte Angaben zu hinterlegten Mikroorganismen oder anderem biologischen Material
- ☐ Protokoll der Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenzen in computerlesbarer Form
- ☐ Sonstige (einzeln auflühren):

Abbildung der Zeichnungen, die mit der Zusammenfassung veröffentlicht werden soll (Nr.):

Sprache, in der die internationale Anmeldung eingereicht wird: deutsch

Feld Nr. IX UNTERSCHRIFT DES ANMELDERS ODER DES ANWALTS

Der Name jeder unterzeichnenden Person ist neben der Unterschrift zu wiederholen, und es ist anzugeben, sofern sich dies nicht eindeutig aus dem Antrag ergibt, in welcher Eigenschaft die Person unterzeichnet.

München, 21.08.2000

(Heike Vogelsang-Wenke)

Vom Anmeldeamt auszufüllen	
1. Datum des tatsächlichen Eingangs dieser internationalen Anmeldung:	2. Zeichnungen eingegangen: <input type="checkbox"/>
3. Geändertes Eingangsdatum aufgrund nachträglich, jedoch fristgerecht eingegangener Unterlagen oder Zeichnungen zur Vervollständigung dieser internationalen Anmeldung:	nicht eingegangen: <input type="checkbox"/>
4. Datum des fristgerechten Eingangs der angeforderten Richtigstellungen nach Artikel 11(2) PCT:	
5. Internationale Researchenbehörde (falls zwei oder mehr zuständig sind): ISA /	6. <input type="checkbox"/> Übermittlung des Rechercheexemplars bis zur Zahlung der Recherchegebühr aufgeschoben

Datum des Eingangs des Aktenexemplars beim Internationalen Büro:

Vom Internationalen Büro auszufüllen

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

INFORMATION CONCERNING ELECTED
OFFICES NOTIFIED OF THEIR ELECTION

(PCT Rule 61.3)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

GRÜNECKER, KINDELDEY, STOCKMAIR &
SCHWANHÄUSSER
Maximilianstr. 58
D-80538 München
ALLEMAGNEGRÜNECKER, KINDELDEY, STOCKMAIR &
SCHWANHÄUSSER
ANWALTSSOZIALTAT
2. JULI 2001
FRIST
TERM
EINGANG RECEIVED

Date of mailing (day/month/year) 18 June 2001 (18.06.01)		
Applicant's or agent's file reference PCT 1220 - 01966/pau		IMPORTANT INFORMATION
International application No. PCT/EP00/08129	International filing date (day/month/year) 21 August 2000 (21.08.00)	Priority date (day/month/year) 20 August 1999 (20.08.99)
Applicant BIOSYN ARZNEIMITTEL GMBH et al		

1. The applicant is hereby informed that the International Bureau has, according to Article 31(7), notified each of the following Offices of its election:

EP : AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE

National : AU, BG, CA, CN, CZ, DE, IL, JP, KP, KR, MN, NO, NZ, PL, RO, RU, SE, SK, US

2. The following Offices have waived the requirement for the notification of their election; the notification will be sent to them by the International Bureau only upon their request:

AP : GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW

EA : AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM

OA : BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG

National : AE, AG, AL, AM, AT, AZ, BA, BB, BR, BY, BZ, CH, CR, CU, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IN, IS, KE, KG, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MW, MX, MZ, PT, SD, SG, SI, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, UZ, VN, YU, ZA, ZW

3. The applicant is reminded that he must enter the "national phase" before the expiration of 30 months from the priority date before each of the Offices listed above. This must be done by paying the national fee(s) and furnishing, if prescribed, a translation of the international application (Article 39(1)(a)), as well as, where applicable, by furnishing a translation of any annexes of the international preliminary examination report (Article 36(3)(b) and Rule 74.1).

Some offices have fixed time limits expiring later than the above-mentioned time limit. For detailed information about the applicable time limits and the acts to be performed upon entry into the national phase before a particular Office, see Volume II of the PCT Applicant's Guide.

The entry into the European regional phase is postponed until 31 months from the priority date for all States designated for the purposes of obtaining a European patent.

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland	Authorized officer: Charlotte ENGER
Facsimile No. (41-22) 740.14.35	Telephone No. (41-22) 338.83.38

IPEA/EPA

PCT

KAPITEL II

ANTRAG AUF INTERNATIONALE VORLÄUFIGE PRÜFUNG

nach Artikel 31 des Vertrags über die internationale Zusammenarbeit auf dem Gebiet des Patentwesens:

Der/die Unterzeichnete(n) beantragt (beantragen), dass für die nachstehend bezeichnete internationale Anmeldung die internationale vorläufige Prüfung nach dem Vertrag über die internationale Zusammenarbeit auf dem Gebiet des Patentwesens durchgeführt wird und benennt hiermit als ausgewählte Staaten alle auswählbaren Staaten (soweit nichts anderes angegeben).

Bezeichnung der IPEA	Eingangsdatum des ANTRAGS
----------------------	---------------------------

Feld Nr. I KENNZEICHNUNG DER INTERNATIONALEN ANMELDUNG		Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts PCT1220-01966/pau
Internationales Aktenzeichen PCT/EP00/08129	Internationales Anmeldedatum (T/M/J) 21. August 2000 21.08.00	(Frühester) Prioritätstag (Tag/Monat/Jahr) 20. August 1999 20.08.99

Bezeichnung der Erfindung
Nukleinsäuremolekül, umfassend eine für ein Hämocyanin kodierende Nukleinsäuresequenz und mindestens eine Intronsequenz

Feld Nr. II ANMELDER

Name und Anschrift (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die Postleitzahl und der Name des Staats anzugeben.) BIOSYN ARZNEIMITTEL GMBH SCHORNDORFER STRASSE 32 70734 FELLBACH DE	Telefonnr.: Telefaxnr.: Fernschreiber:
--	--

Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
------------------------------------	-----------------------------------

Name und Anschrift (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind PLZ und Staat anzugeben.)
Markl, Jürgen
An der Mahlsteig 12

55296 Gau-Bischofsheim
DE

Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
------------------------------------	-----------------------------------

Name und Anschrift (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind PLZ und Staat anzugeben.)
Altenhein, Benjamin
Elsässer Platz 7

65195 Wiesbaden
DE

Staatsangehörigkeit (Staat): DE	Sitz oder Wohnsitz (Staat): DE
------------------------------------	-----------------------------------

☒ Weitere Anmelder sind auf einem Fortsetzungsblatt angegeben.

Fortsetzung von Feld Nr. II ANMELDER

Wird keines der folgenden Felder benutzt, so sollte dieses Blatt dem Antrag nicht beigelegt werden

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind PLZ und Staat anzugeben.)

Lieb, Bernhard
Konrad-Adenauer-Str. 2755129 Mainz
DEStaatsangehörigkeit (Staat):
DESitz oder Wohnsitz (Staat):
DE

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind PLZ und Staat anzugeben.)

Stiefel, Thomas
Steinkopfstr. 2270184 Stuttgart
DEStaatsangehörigkeit (Staat):
DESitz oder Wohnsitz (Staat):
DE

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind PLZ und Staat anzugeben.)

Staatsangehörigkeit (Staat):

Sitz oder Wohnsitz (Staat):

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind PLZ und Staat anzugeben.)

Staatsangehörigkeit (Staat):

Sitz oder Wohnsitz (Staat):



Weitere Anmelder sind auf einem Fortsetzungsblatt angegeben.

Feld Nr. III ANWALT ODER GEMEINSAMER VERTRETER; ODER ZUSTELLANSCHRIFT

- Die folgende Person ist ☒ Anwalt ☐ gemeinsamer Vertreter
 und ☒ ist vom (von den) Anmelder(n) bereits früher bestellt worden und vertritt ihn(sie) auch für die internationale vorläufige Prüfung
- ☐ wird hiermit bestellt; eine etwaige frühere Bestellung eines Anwalts/gemeinsamen Vertreters wird hiermit widerrufen
- ☐ wird hiermit zusätzlich zu dem bereits früher bestellten Anwalt/gemeinsamen Vertreter, nur für das Verfahren vor der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde bestellt

Name und Anschrift: (Familienname, Vorname; bei juristischen Personen vollständige amtliche Bezeichnung. Bei der Anschrift sind die PLZ und der Name des Staats anzugeben.)

Dr.-Ing. H. Kinkeldey, Dr. rer. nat. K. Schumann, Dipl.-Ing. P.H. Jakob,
 Dipl.-Ing. W. Meister, Dipl.-Ing. H. Hilgers, Dr.-Ing. H. Meyer-Plath,
 Dipl.-Ing. A. Ehnold, Dipl. Phys. T. Schuster, Dr.-Ing. K. Goldbach,
 Dipl.-Ing. M. Aufenanger, Dipl.-Ing. G. Klitzsch, Dr. rer. nat. Heike
 Vogelsang-Wenke, Dipl.-Ing. R. Knauer, Dipl.-Ing. D. Kuhl,
 Dr. rer. nat. F.J. Zimmer, Dipl.-Ing. B.K. Reichelt, Dr. rer. nat. A. Pfau,
 Dr. rer. nat. U. Weigelt, Dipl.-Ing. Rainer Bertram, Dipl.-Ing. Jens Koch,
 Dr. Ing. Martin Dreppmann
 Dr. Helmut Eichmann, Gerhard Barth, Dr. Ulrich Blumenröder,
 Christa Niklas-Falter, Dr. Michael Schramm, Dr. Maximilian Kinkeldey
 Maximilianstr. 58 D-80538 München, Germany

Telefonnr.:

089 - 212350

Telefaxnr.:

089 - 220287

Fernschreiber.:

- ☐ Zustellanschrift: Dieses Kästchen ist anzukreuzen, wenn kein Anwalt oder gemeinsamer Vertreter bestellt ist und statt dessen im obigen Feld eine spezielle Zustellanschrift angegeben wird.

Feld Nr. IV GRUNDLAGE DER INTERNATIONALEN VORLÄUFIGEN PRÜFUNG**Erklärung betreffend Änderungen:***

1. Der Anmelder wünscht, dass die internationale vorläufige Prüfung auf der Grundlage

☒ der internationalen Anmeldung in der ursprünglichen eingereichten Fassung

der Beschreibung



in der ursprünglichen eingereichten Fassung
 unter Berücksichtigung der Änderungen nach Artikel 34

der Patentansprüche



in der ursprünglichen eingereichten Fassung
 unter Berücksichtigung der Änderungen nach Artikel 19 (ggf. zusammen mit Begleitschreiben)
 unter Berücksichtigung der Änderungen nach Artikel 34

der Zeichnungen



in der ursprünglichen eingereichten Fassung
 unter Berücksichtigung der Änderungen nach Artikel 34

aufgenommen wird.

2. ☐ Der Anmelder wünscht, dass jegliche nach Artikel 19 eingereichte Änderung der Ansprüche als überholt angesehen wird.

3. ☐ Der Anmelder wünscht, dass der Beginn der internationalen vorläufigen Prüfung bis zum Ablauf von 20 Monaten ab dem Prioritätsdatum aufgeschoben wird, sofern die mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde nicht eine Kopie nach Artikel 19 vorgekommener Änderungen oder ein Erklärung des Anmelders erhält, dass er keine solchen Änderungen vornehmen will (Regel 69.1 Absatz d).
 (Dieses Kästchen darf nur angekreuzt werden, wenn die Frist nach Artikel 19 noch nicht abgelaufen ist)

* Wenn kein Kästchen angekreuzt wird, wird mit der internationalen vorläufigen Prüfung auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der ursprünglich eingereichten Fassung begonnen; wenn eine Kopie der Änderungen der Ansprüche nach Artikel 19 und/oder Änderungen der internationalen Anmeldung nach Artikel 34 bei der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde eingeht, bevor diese mit der Erstellung eines schriftlichen Bescheides oder des internationalen vorläufigen Prüfungsberichts begonnen hat, wird jedoch die geänderte Fassung verwendet.

Sprache für die Zwecke der internationalen vorläufigen Prüfung:

☒ dies ist die Sprache, in der die internationale Anmeldung eingereicht wurde

☐ dies ist die Sprache der Übersetzung, die für die Zwecke der internationalen Recherche eingereicht wurde.

☐ dies ist die Sprache der Veröffentlichung der internationalen Anmeldung.

☐ dies ist die Sprache der Übersetzung, die für die Zwecke der internationalen vorläufigen Prüfung eingereicht wurde/wird.

Feld Nr. V BENENNUNG VON STAATEN ALS AUSGEWÄHLTE STAATEN

- ☒ Der Anmelder benennt hiermit als ausgewählte Staaten alle auswählbaren Staaten (das heißt, alle Staaten, die bestimmt wurden und durch Kapitel II gebunden sind)

mit Ausnahme der folgenden Staaten, die der Anmelder nicht benennen möchte:

Feld Nr. VI KONTROLLLISTE

Dem Antrag legen folgende Unterlagen für die Zwecke der internationalen vorläufigen Prüfung in der in Feld Nr. IV angegebenen Sprache bei:

- | | |
|---|---------|
| 1. Übersetzung der internationalen Anmeldung : | Blätter |
| 2. Änderungen nach Artikel 34 : | Blätter |
| 3. Kopie (oder, falls erforderlich, Übersetzung) der Änderungen nach Artikel 19 : | Blätter |
| 4. Kopie (oder, falls erforderlich, Übersetzung) einer Erklärung nach Artikel 19: | Blätter |
| 5. Begleitschreiben : | Blätter |
| 6. Sonstige (einzeln auflisten): : | Blätter |

Von der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde auszufüllen

- | erhalten | nicht erhalten |
|--------------------------|--------------------------|
| <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |

Dem Antrag liegen ausserdem die nachstehend angekreuzten Unterlagen bei:

- | | |
|--|---|
| 1. <input checked="" type="checkbox"/> Blatt für die Gebührenberechnung | 4. <input type="checkbox"/> Begründung für das Fehlen einer Unterschrift |
| 2. <input type="checkbox"/> unterzeichnete gesonderte Vollmacht | 5. <input type="checkbox"/> Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenzprotokoll in computerlesbarer Form |
| 3. <input type="checkbox"/> Kopie der allgemeinen Vollmacht; Aktenzeichen (falls vorhanden): | 6. <input type="checkbox"/> sonstige (einzeln auflisten): |

Feld Nr. VII UNTERSCHRIFT DES ANMELDERS, ANWALTS ODER GEMEINSAMEN VERTRETERS

Der Name jeder unterzeichnenden Person ist neben der Unterschrift zu wiederholen, und es ist anzugeben, sofern sich dies nicht aus dem Antrag ergibt, in welcher Eigenschaft die Person unterzeichnet.



Dr. Heike Vogelsang-Wenke

München, 15.03.01

Von der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde auszufüllen

1. Datum des tatsächlichen eingangs des ANTRAGS:

2. Geändertes Eingangsdatum des Antrags aufgrund von BERICHTIGUNGEN nach Regel 60.1 Absatz b:

3. ☐ Eingangsdatum des Antrags NACH Ablauf von 19 Monaten ab Prioritätsdatum; Punkt 4 und Punkt 5 unten, finden keine Anwendung. ☐ Der Anmelder wurde entsprechend unterrichtet.

4. ☐ Eingangsdatum des Antrags INNERHALB 19 Monate ab Prioritätsdatum wegen Fristverlängerung nach Regel 80.5.

5. ☐ Das Eingangsdatum des Antrags liegt nach Ablauf von 19 Monaten ab Prioritätsdatum, der verspätete Eingang ist aber nach Regel 82 ENTSCHULDIGT.

Vom internationalen Büro auszufüllen

Antrag vom IPEA erhalten am :

BLATT FÜR DIE GEBÜHRENBERECHNUNG

Anlage zum Antrag auf internationale vorläufige Prüfung

Von der mit der internationalen vorläufigen Prüfung
beauftragten Behörde auszufüllen

Internationales Aktenzeichen	PCT/EP00/08129
Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts	PCT1220-01966/pau

Eingangsstempel der IPEA

Anmelder
BIOSYN ARZNEIMITTEL GMBH

Berechnung der vorgeschriebenen Gebühren

1. Gebühr für die vorläufige Prüfung..... EUR 1.533,00 **P**
2. Bearbeitungsgebühr (Anmelder aus einigen Staaten
haben Anspruch auf eine Ermäßigung der Bearbeitungs-
gebühr um 75 %. Hat der Anmelder (oder haben alle
Anmelder) einen solchen Anspruch, so beträgt der im Feld H
einzutragende Betrag 25% der Bearbeitungsgebühr)..... EUR 147,00 **H**
3. Gesamtbetrag der vorgeschriebenen Gebühren
Addieren Sie die Beträge in den Feldern P und H
und tragen Sie die Summe in das nebenstehende Feld ein.....
- | |
|--------------|
| EUR 1.680,00 |
| TOTAL |

Zahlungsart

- ☒ Abbuchungsauftrag, laufende
Konten bei der IPEA (siehe unten) ☐ Barzahlung
- ☐ Scheck ☐ revenue stamps
- ☐ Postanweisung ☐ Kupons
- ☐ Bankwechsel ☐ Sonstige
(einzeln aufführen):

Abbuchungsauftrag (diese Zahlungsweise gibt es nicht bei allen Behörden)

- Die IPEA/EP ☒ wird beauftragt, den vorstehend angegebenen Gesamtbetrag der Gebühren von meinem laufenden Konto abzubuchen
- ☒ (dieses Kästchen darf nur angekreuzt werden, wenn die Vorschriften der IPEA über laufende Konten dieses Verfahren
erlauben) wird beauftragt, Fehlbeträge oder Überzahlungen des vorstehend angegebenen Gesamtbetrages der Gebühren
meinem laufenden Konto zu belasten bzw. gutzuschreiben.

28 00 04 37

15.03.01

Dr. Heike Vogelsang-Wonke

Kontonummer

Datum (Tag/Monat/Jahr)

Unterschrift

Anhang zu Formblatt PCT/SA/206
MITTEILUNG ÜBER DAS ERGEBNIS DER INTERNATIONALEN
TEILRECHERCHE

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 00/08129

1. Diese Mitteilung ist ein Anhang zur Aufforderung zur Zahlung zusätzlicher Gebühren (Formblatt PCT/SA/206). Sie unterrichtet über das Ergebnis der internationalen Recherche zu den Teilen der internationalen Anmeldung, die sich auf die in den folgenden Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung beziehen:
 siehe 'Aufforderung zur Zahlung zusätzlicher Gebühren'
2. Bei dieser Mitteilung handelt es sich nicht um den internationalen Recherchenbericht der nach Artikel 18 und Regel 43 erstellt wird.
3. Zahlt der Anmelder die zusätzlichen Recherchegebühren nicht, so gelten die Angaben in dieser Mitteilung als Ergebnis der internationalen Recherche und werden in dieser Form in den internationalen Recherchenbericht aufgenommen.
4. Zahlt der Anmelder zusätzliche Gebühren so werden in den Recherchenbericht sowohl die Angaben dieser Mitteilung als auch das Ergebnis der internationalen Recherche zu den übrigen Teilen der internationalen Anmeldung aufgenommen, für die zusätzliche Gebühren entrichtet wurden.

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	EP 0 621 039 A (AKZO NOBEL NV) 26. Oktober 1994 (1994-10-26) das ganze Dokument ----	1-48
A	EP 0 252 829 A (PASTEUR INSTITUT ; PASTEUR INSTITUT (FR); INST NAT SANTE RECH MED () 13. Januar 1988 (1988-01-13) das ganze Dokument ----	1-48
X	US 5 888 775 A (CHAVAILLAZ PIERRE-ANDRE ET AL) 30. März 1999 (1999-03-30) Zusammenfassung Spalte 8, Zeile 45 - Zeile 59 ----	1-48
A	EP 0 244 295 A (PASTEUR INSTITUT ; PASTEUR INSTITUT (FR); INST NAT SANTE RECH MED () 4. November 1987 (1987-11-04) das ganze Dokument ----	1-48
X	WO 94 11019 A (ZONAGEN INC) 26. Mai 1994 (1994-05-26) das ganze Dokument ----	1-48
X	US 5 831 033 A (BAO LERE ET AL) 3. November 1998 (1998-11-03) Spalte 7, Zeile 56 - Spalte 17, Zeile 47 ----- -/-	1-48

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E Älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung, die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung, die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

3

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	SWERDLOW RICHARD D ET AL: "Keyhole limpet hemocyanin: Structural and functional characterization of two different subunits and multimers." COMPARATIVE BIOCHEMISTRY AND PHYSIOLOGY B, Bd. 113, Nr. 3, 1996, Seiten 537-548, XP000900921 ISSN: 0305-0491 das ganze Dokument	1-48
A	HAMILTON J V ET AL: "Periodate-sensitive immunological cross-reactivity between keyhole limpet haemocyanin (KLH) and serodiagnostic Schistosoma mansoni egg antigens." PARASITOLOGY, Bd. 118, Nr. 1, Januar 1999 (1999-01), Seiten 83-89, XP000912289 ISSN: 0031-1820 das ganze Dokument	1-44
A	MILLER KAREN I ET AL: "Sequence of the Octopus dofleini hemocyanin subunit: Structural and evolutionary implications." JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY, Bd. 278, Nr. 4, 15. Mai 1998 (1998-05-15), Seiten 827-842, XP002164204 ISSN: 0022-2836 das ganze Dokument	1-48
X,P	STOEVA STANKA ET AL: "Primary structure and unusual carbohydrate moiety of functional unit 2-c of keyhole limpet hemocyanin (KLH)." BIOCHIMICA ET BIOPHYSICA ACTA, Bd. 1435, Nr. 1-2, 16. November 1999 (1999-11-16), Seiten 94-109, XP000937695 ISSN: 0006-3002 das ganze Dokument insbesondere Absätze 2.6, 3.1, Tabelle 1, Abbildungen 1, 3.	1-48
X,P	GEBAUER WOLFGANG ET AL: "Keyhole limpet hemocyanin type 2 (KLH2): Detection and immunolocalization of a labile functional unit h." JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY., Bd. 128, Nr. 3, 30. Dezember 1999 (1999-12-30), Seiten 280-286, XP000937601 ISSN: 1047-8477 das ganze Dokument insbesondere Tabelle 1.	1-48

-/--

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	HARRIS J ROBIN ET AL: "Immunoelectron microscopy of hemocyanin from the keyhole limpet (Megathura crenulata): A parallel subunit model." JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY, Bd. 111, Nr. 2, 1993, Seiten 96-104, XP000900919 ISSN: 1047-8477 das ganze Dokument ---	1-48
T	CARRERA M ROCIO A ET AL: "Cocaine vaccines: Antibody protection against relapse in a rat model." PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES, Bd. 97, Nr. 11, 23. Mai 2000 (2000-05-23), Seiten 6202-6206, XP002148844 May 23, 2000 ISSN: 0027-8424 das ganze Dokument ---	38-42
X	SOEHNGEN SABINE M ET AL: "Mass determination, subunit organization and control of oligomerization states of keyhole limpet hemocyanin (KLH)." EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, Bd. 248, Nr. 2, 1997, Seiten 602-614, XP000912288 ISSN: 0014-2956 in der Anmeldung erwähnt das ganze Dokument Insbesondere Tab.3. ---	1-48
X	CARRERA M ROCIO A ET AL: "Suppression of psychoactive effects of cocaine by active immunization." NATURE (LONDON), Bd. 378, Nr. 6558, 1995, Seiten 727-730, XP000946580 ISSN: 0028-0836 das ganze Dokument ---	38-42
X,P	LIEB BERNHARD ET AL: "The sequence of a gastropod hemocyanin (HtH1 from Haliotis tuberculata)." JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 275, Nr. 8, 25. Februar 2000 (2000-02-25), Seiten 5675-5681, XP000946778 ISSN: 0021-9258 das ganze Dokument --- -/-	1-48

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X,P	LIEB BERNHARD ET AL: "Subunit organization of the abalone <i>Haliotis tuberculata</i> hemocyanin type 2 (HtH2), and the cDNA sequence encoding its functional units d, e, f, g and h." EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, Bd. 265, Nr. 1, Oktober 1999 (1999-10), Seiten 134-144, XP000952187 ISSN: 0014-2956 das ganze Dokument ---	1-48
X	KELLER HENNING ET AL: "Abalone (<i>Haliotis tuberculata</i>) hemocyanin type 1 (HtH1): Organization of the approx 400 kDa subunit, and amino acid sequence of its functional units f, g and h." EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, Bd. 264, Nr. 1, August 1999 (1999-08), Seiten 27-38, XP000952186 ISSN: 0014-2956 das ganze Dokument ---	1-48
A	DREXEL R ET AL: "COMPLETE AMINO ACID SEQUENCE OF A FUNCTIONAL UNIT FROM A MOLLUSCAN HEMOCYANIN HELIX-POMATIA" BIOLOGICAL CHEMISTRY HOPPE-SEYLER, Bd. 368, Nr. 6, 1987, Seiten 617-636, XP000997484 ISSN: 0177-3593 das ganze Dokument -----	1-48

Fig. 1a-f

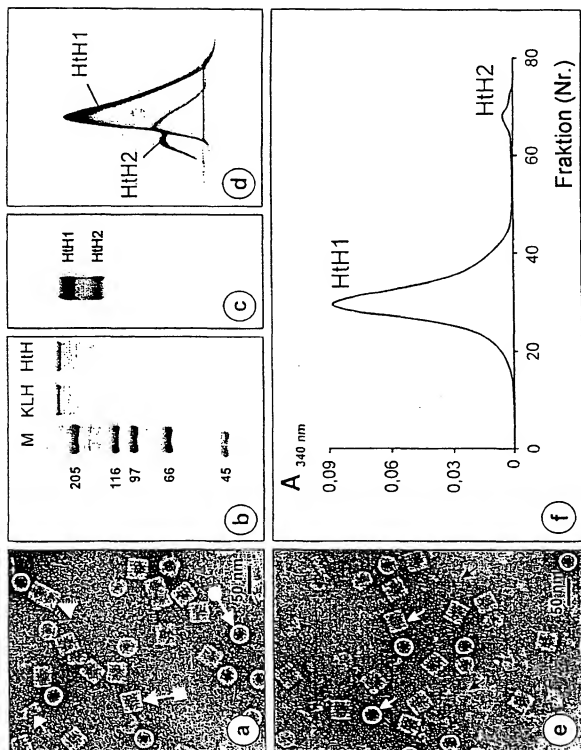


Fig. 1g-m

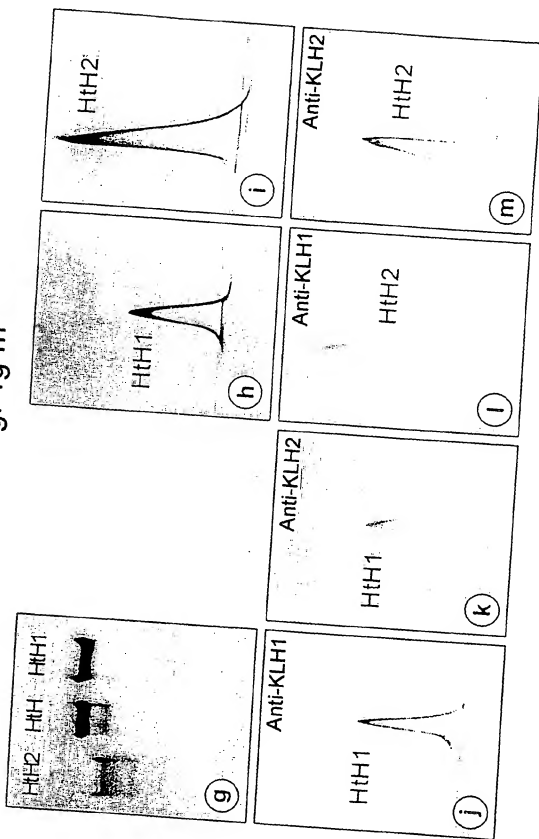


Fig. 2a-h

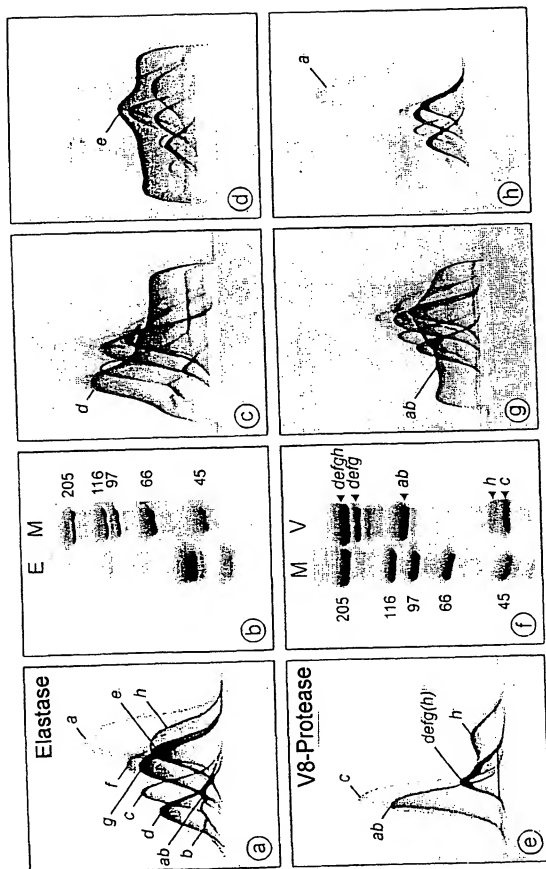
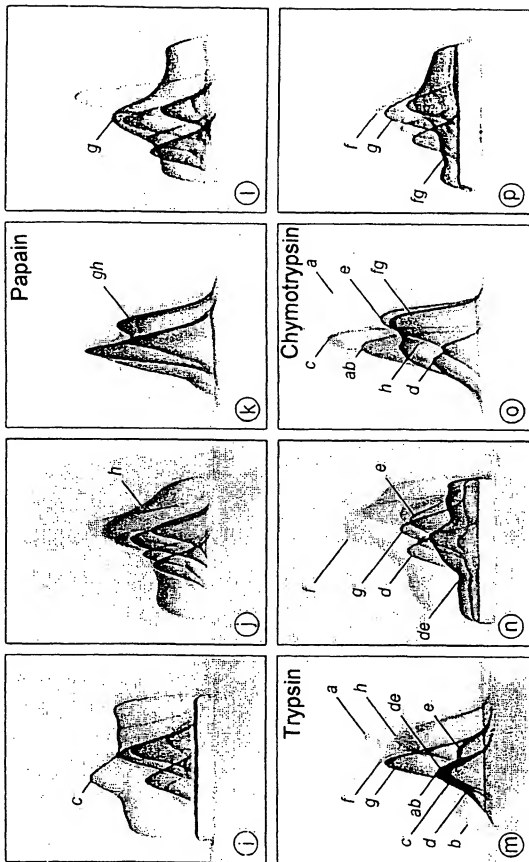


Fig. 2i-p



5 / 44

Fig. 3a-c

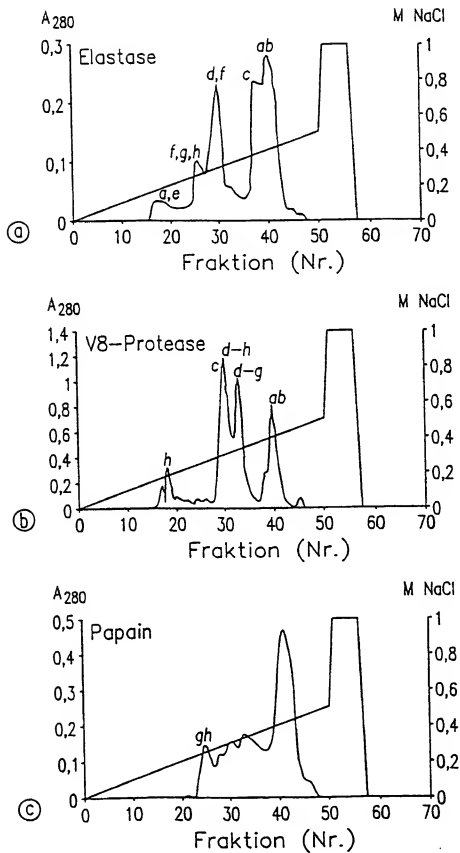
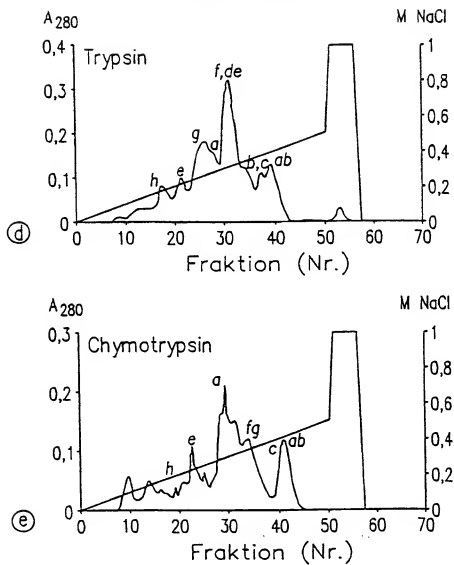


Fig. 3d-e



Figur 4Genomische Sequenz des Hh1-Gens

SIGNALPEPTIDSEQUENZ 1S-1 (1. Teil)

GGCTTGTTTCAGTTTCTACTCGTCGCCCTTG TG

INTRON 1S-1/1S-2 (SEQ ID NO:109)

GTAAGTCAACGCTCTTTGTTTTAAGTTTGATGCATATCTATCATTGCGTTTTAAATACCA
TTACAACCAACGTGCTCTATTGGTCTTCACCTGTTTAAACGTATATATTGTTTTTAATGT
GAAATCTGAGATTATTTTCATTTCGGTCAATATTCGTAAATACTATACAAATAAAAT
GCTTCAGCCTATTGCATTGGCAGTTTTTCGCAGAATAACGAGGGAAGGCGTACATAAAATA
TAAACCAAGTGATATTCAAGCATGTTTATAAATTTCTTTATAGATTATAACATCATATCAA
AACACCAATCTGGATTTTAAACCCGCTGAATCCAAAGTATACCAATTAAACGGAACCTTATCA
TGTTTTATCAAAGTTTTAGATGAGGGTAAAGAAGTCCGAGCTATATTTTGCATATCAG
CAAAGCCTTCTATCAGCTCTTGACACAGGGCTGGTATCTAAACTCGAATCCACAGGAAT
AAATATTTTCAGCGCATAGAGAACAGTCGGTGGCTATCATTTGGTCACAAAACAAGTCCAAA
ATCTGCATTAGCCGGTGTTCCCAAGGCTCTGCTTTGGGGCCACTATTATTCTCACCTA
TATAAACGATTCAACTAATGGAATATAAAGCAACGTAAACCTCACCAGCATGAAACACT
AAGTTATAGACAAATCCGTTTAAACCCAGCCACTGCTTAATAATAGCTTAGGCCGTCTTT
CAGACTGGGCTAGTAAGCGGCAGGTTAAATTTACCTTTGAAAAGACAGAAACCATGGTAT
ATTTCAAAAACACGAATGCAAGTCTTAAACTTCAACTACTACTTGTATGATACCTGGGATTT
CTAAAGTGTTGTAACAAAACACATTGGCCTGATCCTACAAGATAACGACAGACAAACCA
TGTTTTTTTTCAATAACACGAATGCAAGTCTTAAACTTCAACTACTACTTGTATGATACTG
GGATTTCTAAAGTGTTGGTGAACACAAACACCTTGGCCTGATCTGCAAGATAATGGAA
AATGTCAGAAACATAAGCAAGTTGATGTGGGTTTTCTGGGGTTTGTGACAAACCGGAAA
GACCTGCAACTAATGTTAGTCTAAAGGGTTTTACACCCGGTCACAAGTGGGGATCGACC
CAGGCACCTTTTGCCTTTGACAGCTCGCCTTTCAAAAATCTCAATTCGAAAACGAAATC
TAATAATTTCATGAGCGATACAAACCGTTTTTTCATAATGCTGTGACCGCATCTGTGGA
AACATCTGTCTACCCATTGGTAGTCCCCCATAAAATGTATTTATGTTTATAAACACAAT
GTTTATAGGGTTACAGTTAGAAGAAGCATTTCATTGGCTAATGTACATTTGCTTGTGTTTT
ACTATTGTGCAAGGCGATATTACAGGCTTTTAGGAAATTAATACTGTTTAAATCATAT
ACACTACCGGTAATCTATTATGCTTATCTGCCAACATTCTGCCAAGCAACGCATGA
AAGTTAAAGCTGAGTGAATAAATCTGATTGCTGTGTTACTTCACAACCAAGTGGACTGAAT
ACAACCATGTTTTTTCTTGAAAGTCACAAACCTCAGTCGGTTTTCTAATGTGTTAAGTTT
CTAGTTTCATAAAGAGCATGACGTAATGGTGAATAGGAGTTATCAATGTTTCTATCTAAT
GACTCCTAGTTTCGTTACTTTTTTAATAAAACATCCATGTGTTTAATGTTTGGCCACAGAT
ATAACAAGAAAGAAATCGGATAAAATCTACATTTTGACCAATCGGAAGGCTGCCCTCC
CTAATCCTAATCATTTTTGTGCTCAAACATACTCAACCAGACATTTGAACATATGTATA
TATCAGAAATGAATGGTAACAATAAATCTGTATGTTGACCAGACAGAATAGGTTGAATC
TGAATACCAACTATTGTACATATGAATATGGTAAGCTCTGCGCGTGGTGGCGGCGGT
GTAGTGCCTGTGTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGCGTTTGTGTGTGTGTCTGCGTGCCTG
TGTGTGCGCGTGTGTGCGTGTGTGTGTGTGTGTCAGTGTGCCAGTGTGTGTGTGTGTG
TGACACAGATGTGGTTGAGACACACTTGATTCAGTGCAGGATTTATGCTCTCAACCGAG
TGAGTCTTTAAGTGTGCCTGGAACAAAAAAGTCCGTTGGGTTGCATCGCCTCTGTAGC
AAGCTTGGACCGGTGACGAGCTCTGATACCAACGATTTGGCACCATGTTTCAATCGGTTG
ACGCGAATATTATGCTATGTGTGGCGTATCATACCATAGGTTGGGAACGTTTCAATCTG
TACCGAGCTTGGGCGTGTCAAAAGCTATGATAAGATGACAACACGCTCTTGGCATCTTGT
TTCTCGGTATCAGCGCTGTTATGCTATGTGTGGCTATCACACCTTAGGTTGGGAAAT

TTCCACATTTTCCAGCCTCGTACATGTTTCCTTTTGTITTTTCCTTAGTTATCAGCATAC
CGTATATTCTATATTTAATGAGCATTGTATTTTTCTACAG

SIGNALPEPTIDSEQUENZ 1S-2 (2. Teil)

GTGGGGGCTGGAGCAG

INTRON 1S-2/1A-1 (SEQ ID NO:110)

GTGAGTTTCTTAACATTGTCATGGTACATGGATATACGCTCAGTGGGAAAGCAGGATATC
CCCTTGGTTCAGATATTCACCTTGTCACGCCAAGTGTTTCGATTCCCAACATGGAATACCTGT
CATATAGTAAATTGATACACTACTTACATTTAATCTCCACTAAACGTCACGTCCTTTTA
CTTCATGCCCCACATGGTCCGTATTAGTGAGTGAGTGAGTCAGGGCATAAGTATTTAACG
TCAAATCAGCAATATTTTCAGCCATATTTGTGACAAGAAATTGAATATAAATAATATACCTTA
TAATGCTTATAAATAATAAATATATAAATACTTATAACTATAAATAGTTATACCTAGTAT
TTATCAAAACATATTTGCCACGACACTGCACGCCGATACTTCAAGTGTCTTCACCTCAAG
CGTGTAACTCCTCATACTCTGTAATAAGTATGTACACTAAGTGAGTGCTATCATCTCCAT
GCTTCATTAGTTTCGTGAGATGCGGTATCCCATACGAGTACATTGAGATTATGGGATCCA
GAGCTTCTTATCTCAAGTATTTCCGATTGTAAAGCCATACACTCTCCCAATGACTGCAC
GAGACAGATGGCAACCGTCTTCTCCTCGACTAGGTGAGTGCCACTGATAAATCATTTAT
GCCTTTAACATTAGGAATGTTAGCAGTGCACATGTTTCAGAATTGCGACCTTATGGTTGT
AAAGATTACAAATTTTCAACTTACTTGAGACAGGTTCCATATGTCGTATCTGAAATAGT
GTGAAGGTATCTGATTTCGATGCAATACACAGACATATAAAACATATTGTGCGCCTGCTATT
CCGGAAGGTGATTTTGTATGTAACGTTCTTAAATGGACACAAACGGAATTATTAGTTAA
ACATACTCAACAAAACATATGTTATTTTGCATGGGTAGCACCGAAATCTACCGACAGCTGG
TCTGTTAAAGTAGAACATCTCGACATAAAGAAAAATCATTTGGCTTTAAATATATGCAAGT
TACTTGTCTCTAACACCCAGTTTATACACATTTTCAGAGAACCGGGGAATCCGCGATGACA
ATATCAACGAGTATATACAGAAATATATAATAAAAACGATGAGTGCCTGGCAAGGGAAAG
AGCGAGATTGCCCCAACAGGGGGGTGGTGTGAGCTTGAATCGTGAGAAACAGTAGATTG
AAAGACAAGATGACATCTAATGATCCGAAATCAACACAGGATTAACCTGGGATGCAAGAA
GAATGAATATCTCAAGCATACATGCAACACTTCATGAATGCATCTCAAAACATTTTCGTCA
GATCGGATGCATGAAGATTGTAAAGCAATGGTTTAAATTTGCCCTAAACGTTTAGTTGG
AGATGTATGAGGCTAGGCTGTATGTTGAACGAAACCAATTAACATTTGTTTCATGATTA
TTTAATATTTTTTTCATTTTATAGATGTACAATAAAATTTGGAACATAAATCTTTCCCTTTA
TTGTTTGTATTACCTGTTTCATGGGTATGTTTGAAGATCGTGATATTAGTTGGCAT
TCACAAGTTGGAAAAAGGTCACTCAGTTTGATTTCAAGTTTATGTAACCTCTTTATCTGA
CGCTCCAAAATATGTAAGCCTTGTTTCATCTGTCGGTATGTGGATATTCCTATTCAGGG
TAGGGTAGCATTAATTAATACAAAACATAACGCTGTAACAGATTTCAGTCACTTCAGAGAT
GATAATGCAATGTCGATATGATAGGTCAAAACCTTCGATATCAATCAAAATGAACCTATGG
ACCTTGAATCGGAATGATACGTACACTTTAGAAACAATTCACAAATATGACTGTCACCC
TTTCAGGTAATATGTTTGAACGACTACGATAGTGCTGAACAGCAGGAGAGGCAACATGG
TTCGATTGTGAGACAGGTTTAGTGATTTTGGTTCGGAATTTAAGGTTCTGAAATCAACA
GACACGGTTCACTTAATGGATAAACCAATCATAGATAGATAGAGATTAGTTCGGATATT
GCTGGGATAAAGCTTAGTGGGACGTTAAGTCCCATCTCAATCTCTCATTTTTCCTCAAA
ACAGTTTAAATTCAGGCTCATGACAAGGTCGACTGTGCAAAAGGATCTTACTTCAAGCA
GAGATGCTCTCATGATAACAGTACAGGGTTTTTGAAGTTTATCCAGTCAGCGCTGGCAGC
ATCTCGCATGCGGAATTATACCATCCATGCGCTAGGCTATTGTTAAGTCTGTAG
AATTAATTCGCGAGTTGCAAACTACTGCTCACCATTATCTGCCTCAACCCAGTTTGGGTA
CTCGCATTTACACAATATATGTAATAATGTTTCGCTTTTCGAAACAAACACCTAAAT
CATCCAAAGTTTGGGAGATTTTATTTCGAGAAATCAACCTGAGATGTTGAATCGGAGAT
CGCCTTATTCATGTTGAGTTCGGAAGGGAAGTAACCGCTGATGAGGCAAAACAAATACG
CAACATATGGAAGTGAACCTCTTGAACCCAGTATTATGTTTGTGTGGACATGATATGTTG
TAATTTGACCAATTCGAACAACCTTACTATTCTATTCTATAATGTTTAGTATTACATTTG
AATTAAGAGATGAGTTTAAGATATTAATATTTCCCTTTTATAGTCTGTCGTGATGTA

GGGCAATATTTATGTATGTTTCGTTTCATTTTTCATTTATCATTTGGAAAAGGTATATCATAA
GATTATATTTATCATTCCTTGAAGTAATGTATACATATATATATGTCTTGAGTAGCTTATT
TTCAATTTTATATCATCCGTCATCCAATTTTATTTACGAAAAGTATAAGAAAATACGAGA
GAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAGACAGAAAATGAAGTTAGGAGATATNAGTTTATCAAGAA
AACAACAGTTTGAATTTTTTGTGTTAGACAGATATCATATCAATAACCTCGCAGTATTAC
GGGAATAGCGGGCGGCTCCATATGCACAATGAATCGTCAGTTAAAAATCAACATTAAACTT
AAAATACTCCTCATATTTAAAGTTGATCTACCTCTTGATATTATTGTAGACTATTAGACAG
AAGTCGACAGTGACACCAGCAACAGATATCATACCAGACTTAAAGAGCTGTTTCCTTG
ATGTTTCAATTTATTTCCATTTCATTTATTTCCCTTATTGGTTTCCATTTTCAAACTT
ACCATCTGCACCAAGTGGGAGATTGATATGTTGATTTTATTATATTCTTGTACTACAAT
ATCAAGAAATGTATAGGAGCTATTCCTTGTTCTTAAACCCGGATAGATCCATAATTTCCAT
TTTGGGATAAATGGAAACTAAACACAACCTTTTACAGTAAACACGAGTACGCAAGTTGAGT
TTTACGCCGCTTTTATGATGATTCCAGCAATATCGCGCGGGGACACAGAAATGGGCT
TCACACAGTGAATGCATGTGGGATTTCGAACCCGGGCTCTTCGGCGTGACGAGTGAACGCT
TTAGCCACTAGGCTACCCACCGCCTATTATAGTTAAGACGAATACTTTTCTCAAGCCT
CAAAATATGTCCTACTTAGAGAGACTGAATCTGATCCTGAATCTCGCGACCGGCTTGAAT
ATCATCCCACTAATCTATTGTACAAAGTACCTGTAGATTGTCAGTTCAAAGACAGATTTC
ACAACCCCTATTATATTTTGTCTGCTCATTAAAGATATTAGACTCACTCAAACCTGCTAAA
TGATTTTAACTCTACTTTGAGATGTTTAACTTTTATTCGATGCATTTTTCGGCTTTCGCG
TCCTGTATAAAGGTAAAGCAGGTAAACTAACCTAACCTGTTGATTTTATTCATAGTTTTG
CGATCAGATTGAAACCCGGAATGCACAGTGAAGTGTGGCATACATCTTCCACAGAGATAC
TGGATACTAGTGGGTACAACCGCATTGGCTTTGTGAAAGGATATTAGTGTTTTATGAGAC
TGACTCATGTTTCAATGCTTAGAGCGGAATGATCTCGGCTTTCATGAAAAAATATTGTTGT
GAAGTAAACCCCGAGTCCCTAACAGAACCTGGGGAAAGCAGATGGATATGCCAAGACATC
TTCGCATGGTGTGAAGATGATCGTTACAACATCTGCAGAAAAGTTATTCTGTGAAGAA
TATGCCAAAGCATCACTGTGAGTGTGTTGAAGATGTGATATGGCAACACGACGCGTGTA
TTATGCTTTGTGTGTTATTTCTGAAGATCCGATGAGCATGGCGCCAAACATCAGTTTAA
TGGCTATGGCAAGATCTCCCGAGATGGTAAACACATATTTGGCCATTTTCTTTGTAAG
TGGCGACACAGAAGATCCCTGATTTGTGTGGATGAGGACACAAAACGGGTCCTT
CCTTTGCTGATGCTAATGACGCCCTGGAACATTGAAAGACTTCTTCTCCAGCAAGCAAG
CCACCAACCACAAAGTTGTATAAATCGCTTGGGACTTGAATACGGCAGTTGGACAGATAC
ATACAGCCAGAGAGGGCCGAACATAAACATCTAAACATGGAAAACTGTAAAGACAGGCT
TTGTTGTACGACGTACGTAATTCATTGAATGTTGAAAAGGTAGAAAAATTATTAATCT
TTGAAACCTCGCTCTGTTTGTGTTTATGTTGCCCAACATTGCAAAATGGTATCAAAAA
GGGAGACACATTTGTTTAACTTATAGCCAGGTTCAATTTAGCCTTGCGCCACAGACTCAT
TGTATCTGTTGAAGGCTATAGGTGGCCACGCTTCTTAAGATGCTATGCTATCTTACCAG
AATCCAATGTAAAGAGTTCAAACGCATGGTTGCTTTGATTGTGATTCTTCTTAGCACC
TCTCTCCTACCCAGAGTTCACTGCACTGCTCCTGACTCACAATAAGCTGACGTGCTGTC
ATATATGTGCAACATTGTATACGTTGGCGTTAAGCCCACTCACTTCCGCTGCTTTTGG
CAG

DOMÄNE 1A-1 (1. Teil Domäne a)

ACAACGTCGTCAGAAAGGACGTGAGTCACCTCACAGTTGACGAGGTGCAAGCTTTCAGG
GGCGCCTCCATGACGTCAGTCATCTACAGGGCCTCTGAGTTTCGAAGACATAACATCTT
ACCATGCCGACCCAGCGTCGTGTGATACAAGGGACGGGAAGATCGCCTGCTGTGTCCAG
GTATGCCAGTTTCCCTTCTGGCACAGGGCATATGTCGTCCAAGCCGAGCGGGCAGTGT
TGTCACAAACGGAAGACTGTGCGAATGCCTTACTGGGACTGGACGCAACCGCTGACTCACT
TACCATCTCTTGTGACTGAACCCATCTACATTGACAGTAAAGGTGGAAAG

INTRON 1A-1/1A-2 (SEQ ID NO:111)

GTAACACAAACGTCGTCCTTTCATACAGGAGAAATATACAATTGTGTTGTAAGAGCGG
TATACTGTTTGGCAACTGTGTAATTGAAACGTTGATGATGGTGCTTTGTATTCAATTT

GTATGCACCTAGACATGATCAATGTTTCTGATGTGTCAAGGATGTTCCGGTGTGTCACCTTT
 CAAAAGATCAAATTCATATGACGTACACAGAGCAAGAACCAACAGTAAAGAAGTCTGTATG
 ACTTCGCTCTTTAAAGCAATGGAAAAATATTTTTCACTTAACACCTAGCCCAATAATCACGC
 ATATTGATTATTTCAAGCGATGTCAACATGTTTTTAATATCAATCTCATGTTTCTGATAT
 TACCGGAGACATGCAACAGGCTGCCATATATAGCCAGGAAATCTTATGAATATGTGCATAT
 TTTTCTTTGATTCGTATGACGAGAAATATTCGGAGGCCAAGATTGTGTTTTCAGAACA
 GAATCAGGGTATCAGTGACATCGTCACGTGATGGCTACAATATTGCTGATGTGACTGTTT
 CTCCAAGGATTTTCATCTCACGTCTGTACTTTGAATCTACAAATTCGTATTAAAGTTAT
 GACAATTTTACCCCTGCCTATTTGTAACGAAATATAACATGAGTGTATTATGCTGACAG

DOMÄNE 1A-2 (2. Teil Domäne a)

GCTCAAACCAACTACTGGTACCGCGCGAGATAGCGTTTATCAATAAGAAGACTGCGCGA
 GCTGTAGATGATCGCCTATTCGAGAAGGTGGAGCCTGGTCACTACACATCTTTATGGAG
 ACTGTCCGCGCTCTCGAACAGGACGAATCTGTAAATTTGAAATCCAGTTCGAGTTG
 GCTCATAATGCTATCCATTACTTGGTTGGCGGTAAATTTGA

INTRON 1A-2/1A-3 (SEQ ID NO:112)

GTAAGTTTGGTTTACAGTTTCATTATAAAAACATAGCAGTTTTAAGTTTAGGGGCGAGTT
 CTAATCTCTAATATTCCTTTCAACTCACTTTATTGGTGCCTTCTTGGAGTGACATTTAGA
 AACTAAGACAAGAGGAAGATGAACAATGTTTGTAGGGATAGACAGCTTGGATGCAATTTT
 GGACCAAGATTTTAAACAGCGTCATGAAGCAAGTGATACACACGTTATCAATAACGAGAAT
 ATACACATAGATGGTTTGAGTTTATAAATGAATATTAACGGCATTGTGGTTATAGACAG
 TGAGGAAGACGCGAGATAGACAAAGGGTAGGGGCCTTGGTTAGATAATGAGAAGTTGAAG
 AGGTTGAATAACTTAAATCTCTCTTGACTATTGATTGTGTCTAAGAGTTTTCTTATCTTA
 CAGTCGGCCAGTTGGGTCAAAGATGGTGTGATTCCGATGTGCTTTGTGTGTTCTGCGATG
 GCTGATTTAGAGTCAGGTTTACTTCAGATGAATGAAGTTCCCGGATCTTATGTTTAAAGTT
 TGTTTCACCTACGCATGAAGACATCACCAGCAGGGTCGTCTTTATTTCTAGTAGCTTATT
 TACAGCAAGCTTGTAAACGTATGCTGAATTGCTGTGCCCTGTAGAACACAGCATCTATGT
 TTGCTTGCTTCTTTAGTAGACTGCGGATGTGATGGTTGGTTACCTGGTATGCTGACGAAA
 GAATTTGTTGACGTGGTGGTTTGCTTGTATGGGTTCGTTGACTTGGTTTGTGGATACCTGA
 TTAAGGTGACTCTGCTGGGAGGCTTGGATTCTGGGGCCGGTGTCTTTGTCTCCTGTCT
 AGGGTGGCGATTATTTCCCAACCCACTTGGTCCATTACACACAAAACCTGCTATCAATTT
 ACAG

DOMÄNE 1A-3 (3. Teil Domäne a)

ATATTCAATGTCAAACCTTGAATACACCTCCTACGACCCCATCTTCTTCTCCACCACTC
 CAACGTTGACCGCCTCTTCGCCATCTGGCAGCGTCTTCAGGAAGTGGCAGGAAAGAATCC
 CAATGCAATGGACTGTGCACATGAATCGCTCACCAGCAACTCCAACCCCTTCAACAGGGA
 CAGCAATCCAGTCCAGCTCACAAAGGACCACTGCACACCTGCTGACCTCTTTGATTACAA
 ACAACTTGGATACAG

INTRON 1A-3/1A-4 (SEQ ID NO:113)

GTGAGACATTATTACACTTCTATTTAGTAGTGGGGGCGGGATAGCTCAGGTGGTAGAGCG
 TCGGCCCTTCAGCTTCTAGTCTCGCCCAAGAGCGCGCTGGCTAAAGGGCCGGAGTTAGA
 TTCCCGCGGGCGGCAAGCAATATCTCCGAAGGGGAGAACAGTTCTCCAGTCCGGTGAATTT
 GGGGTGCAATGTTGTACCACTGAAATGCGTGCAGCACCAACCAATCAAATACCAAGCCTTG
 CCGCGCTGGTCTGACTACATAGTACCACCCGATTCAACCGGGCTATATAGTTCTCTCTC
 CAGCAGTAAATCTGACAGTCGCCATATAGCTGGGATATTGCTGAGTGGCAGCTTAAAGCCC
 CAACTCACTACTTTATATTAGTATTCTATTAGTATCGACGCATGACCATGAGTGTGGTG
 GTCTACTCATCTCAACACGACGATTAAAGCTTAAAGAGCTGCCAATGATTCTCTTCTCTC

CTTTTAGCCTCTTTATGCCAAAAGCTATATATTAATGTAGGACCCCTACATATATTATTC
CAG

DOMANE 1A-4 (4. Teil Domäne a)

CTACGACAGCTTAAACCTGAATGGAATGACGCCAGAACAGCTGAAAACAGAACTAGACGA
ACGCCACTCCAAAAGAACGTGCGTTTGCAAGCTTCCGACTCAGTGGCTTTGGGGGTTCTGC
CAACGTTGTTGTCTATGTCATGTGTCCCTGATGATGATCCACGCAAGTGATGACTACTCGCGA
GAAAGCAGGCGACTTCTTCACTTCTGGGGTCAAAGCGAAATGCCGTGGAGATTCTACAG
ACCCCTTCTTCTATGATGTAACCTGAAGCGGTACATCACCTTGGAGTCCCGCTAAGTGGCCA
CTACTATGTGAAAACAGAACTCTTCACGCTGAATGGCACAGCACTTTCCACCTGATCTTCT
TCCTCAACCAACTGTTGCCCTACCAGCTGGGAAAGTCACTTGACC

INTRON 1A-4/1B (SEQ ID NO:114)

GTAAGTTGATTGTCCTTAATATTGTTTAAATTTTTCGACAAAATTTGATTTTAAATTTGTGTA
ATAACAGTACACATTTTACGCAACAGCAGTCATTATTGTGTGGAAGTGTCAAAACGAG
AAAGGTTTCAATCGTGAAAAACAAAAACAATTCTCTATCTGTATACCCCTCAATACCGAGTA
TGATCACAAATCTAGGAAAATATTACATACTGCTTCATAGAGTAACTGCTGTTTGTGGCA
GAGCTGGATACGAAGTTTCTGATAGTTTACAGCTACATGATAGTAAATGAACCTGTACAC
ATCAACGGTTGATCATGAAAATTTTGTATGTGTGAAAGTGCTACCTGTATTAGTGAACGT
GCTACCTGTATAACTGAAAGTGCTACCTGTATGACTGAAAGTGCTACCTGTATGCTGAAA
GTGCTACCTGTATTAGTGAACGTGCTACCTGTATAACTGAAAGTGCTACCTGTATGACTG
AAAGTGCTACCTGTATTAGTGAAGTGCTACCTGTATGAGTGAACGTGCTACCTGTATAA
CTGAAAGTGCTACCTGTATGACTGAAAGTGCTACCTGTATTAGTGAAGTGCTGCTGTGA
TTAGTGAAAGTGCTACCTGTATGACTGAGCGTGTACCTGTATGACTGAGCTGACGCTGCTACT
GTATTAGTGAAGTGTAATCTGTATGAGTGAAGTGCTACCTGTATTAGTGAAGTGCTACT
CTGTGATTAGTGAAGTGCTACATGTATGACTGAAAGTGCTACATGTATGAATGAGAGTG
CTACCTGTGTGACTGAAAGTGCTACCTGTATTAGTGAAGTGCTACCTGTATGACTGAAC
GTGCTACCTGTATTAGTGAAGTGCTACCTGGTACCAACTGGATGTTCTCACTTCTTTGGC
GAATATCTGGGCTCAAAACAGTTTTTCAGTATCATAGTCGTATCAGTTTGATTTGTATGT
GCAGTGGAAATCATTTTCGTCAAATAATCAAACTGGTGTTGAACTGGCGTTACAGTTTATA
TGGTTGTAAAACAAATCTCTGAAGTAAAGATATTTTAGGGATATCTGTATGACATGAAT
GAATTTGCTTAAAGTTAGCATGCCATGACAAATTTGCTGAATGTCTGAGGATTTGGTGGAGCA
ATAAATCATTTATTAGACAAAAATCAGAAACGTCATTTTCACTTTTAAACAGTGTAATCTG
TCTGAATGCCCCCTACTTTTGGAAAGAGTATATGAATTATCGGCATATAAAACGTTA
AATGGCAAAATGTCGGGCATATGTCAGGACATTATTACCGCAGTTTATAGTCATATTACC
GGGCTTAGGACAATTTGCACCCCGACAATTGCCACCCGGACAATTGCCACCCAAAAATAA
AATATACGTAAACAGAAAAACAAATATTGCTTTCAGCCTTTATTGAGTTAGATAATGACAT
TTATGTTGATAAATATGTCGTTTGATAATAATAAACAATAATATATATATACAATACT
GCAATAGTACTATCAGTACTTATCATTTTATCACAGATTATATATAGATTCTAGAGTCCG
ATGTTGTAGGCAACACTTCGTCGGTAGGCCGTTAGGTAGTTATCATTAGGCGTGAATTT
GCGCCAAATTTCTGATTGCTATATACGATGCGATACACGGTTACCTGTTTGCATACGTAA
ACTTAGGCAAAATAGACAGTTTTTCCATGATTATTTACGTTTCAATGCTTAAATGTT
CTTATCTGTTATCTCCTTGAAGGTTTAAATAAAATAACAATAAAACATAAATCATTATTGAA
AATTAATGAACAAAAGTAAAGCGCTTCTCAGTTACCTTAACTTAACTTATTATGAATGG
GATTACTATCAAGAATGTGAAATTCACAAACACCTTGGGATACACTGCAAAACGACTG
TTCATGGGACGGACATGAAAAGGTGAGTCCCATGTTAACTGTTGAGAAAGTTTCCCTAT
ACTGTTTGTCCGAAAAAGGCTAAAGACCATGTACTAATCAATTATCTATCTATTTCG
ATTACTGTTCTCATATTTTGGGACAACGTGCAGATCGGTAGCATCCAAAGTCGCTGCTAAAT
CGGTTTGATAAACCTTGTCAAATAACATGTTGTCTCAACATCCAAGCTCACCTTAAACCTT
GTCAATACCTGCATCTGAACAAATGTATTTAAGACGATAGCATCCAAGCTCATCTTTA
AAATGAATATTTTCTCTTTTCTACCAAAAACATTTTGGTTGACAGTTGCTCCCTCAT
TATAGTAAAAAGAACTGGGTGGCAATGTGCTAGGTGGCAATGTCCGGATGGCAATGT

CCGGGTGGCAATTGTCCGGGTGGCAGTTGTCCAGGTGGCTATTGTCTCTGTTCCCATATTT
ACGTATCCCATTTTCTGCTCTGTAATTTTAAATAAATCACCCTGCCTAAGGTAAGACGAC
ATGTTGTCACGTGAACATCGTTTGGGGGCAAGGGCGGAATCCCTTCGTTGAAAGTAATGTA
ATACGTGACATAGAGATCGGTATCTTGAACCTCTTATTAGCTTTGATATTGTGCTTAATA
TTACATGAATGTATTTCAAATATGTAATTATGTGTTCAAATGAATGGTTGACTTGAATGGT
TTTATTGCTTTATATGCTACATCAACATGTGTGTTCTTTTCATTTTCAG

DOMÈNE 1B

CACCTGTGCATCATCGCCACGATGACGATCTTATTGTTGAAAAAATATAGATCATTTGA
CTCGTGAAGAGGAATACGAGCTAAGGATGGCTCTGGAGAGATTCCAGGCCGACACATCCG
TTGATGGGTACCAAGGCTACAGTAGAGTACCATGGCCTTCCTGCTCGTTGTGCCAGACCAG
ATGCAAAAGTCAGGTTCCGCTGTTGTATGCATGGCATGGCATCCCTCCCTCACTGGCACC
GGCTGTTTCGTTACCCAGGTGGAAGATGCTCTTGTACGGCGTGGATCGCCTATCGGTGTTCT
CTTATTGGGACTGGACAAAACCTATGACTCACCTTCCAGACTTGGCATCAAATGAGACGT
ACGTAGACCCGTATGGACATACACATCATTAATCCATTCTTCAATGCAAAATATATCTTTTG
AGGAGGGACACCATCACACGAGCAGGATGATAGATTGCAAACTGTTTGGCCCCAGTCGCTT
TTGGGGAGCATTCCCATCTGTTTGTGGAATCCTGTACGCAITTGAGCAGGAAGATTCTCT
GGCAGTTTGAGATTGAGTTGAGTTAGTCCATAATTCTATTCATGCGTGGATAGGCGGGT
CCGAAGATTACTCCATGGCCACCCTGCATTACACAGCCTTTGACCCCAATTTTCTACCTTC
ATCATTTCCAATTGCTGATCGTCTATGGGCAATCTGGCAAGCTCTTCAAAATCAGGAGACACA
AGCCATATCAAGCCCACTGTGCACAGTCTGTGGAAACAGTTGCCAATGAAGCCATTTTGCTT
TCCCATCACTCTTAAACAACAACGAGAAGACACATAGTCATTCACTCCCGACTGCATTT
ATGACTACGAGGAAGTGTGCACTACAGCTACGATGATCTAACGTTTGGTGGGATGAACC
TTGAAGAAATAGAAGAAGCTATACATCTCAGACAACAGCATGAACGAGTCTTCGCGGGAT
TTCTCCTTGTGCTGGAATAGGAACATCTGCACTTGTGACATTTTCAATAATAAACCGGGGA
ACCAACCACTCAAAGCTGGAGATATTGCCATTCTTGGTGGTGCCAAGGAATGCCTTGGG
CGTTTGACCGCTTGTATAAGGTCGAATAAAGTACACTATTGAAGACACTTTCTCTCGATG
TCGATGGAGATTATGAAGTCACTTTTAAATTCATGATGCACGAAACGCTCTTGATA
CGGACCTGATTCCACACGACGAGTGTGTTCTGAGCCAGCTCAC

INTRON 1B/1C (SEQ ID NO:115)

GTAAGTAAATTTACAAAAATTTGGTGTCTCTAACTATCCTAAGTATTCAATCGTTAGCGT
GTACCTATCTGCATAATGCAATACCCGTACTCCATATAAGTATAGTATATTACTCTGGT
CGAAAACAACAAATTTGAAAACAAGAGTGGACGTGCTGTTATGATTTCTTTTTCATCTT
GGTTCGTTGTGTAATGGCCACAGCCAGCAATCCAGATATATAGCGACGGTCTATGAATC
TCCAGTCTGGACAGACAATCGTGTGGAATGTTTAGGCACATTATATCAAAATTCATTGT
TGAAGATATGAGTTATGAGGTCACAAATGTTGCTTGTACCCCGTGTGACATGAGCTG
ATTTTCATGACTGAAATCTCTTCAACGCGCTTTAGCAATAATAGGCTCAGTAGTATTCAAC
CAATTACAAATCAGTAGAAAAATTTCTTATACTATTCTTATGTTGCATCCTGATATCCCTAT
GCAAAAATTAGTCATCTAATAATAATCAATTTTCGATAAACTTTGGGCAACAAATCAAT
GTAACATCTATTTTCTTTTCAG

DOMÈNE 1C

CTACCTTTGAGGATGAAAAGCACAGCTTACGAATCAGAAAAATGTCGACAGTTGACTC
CTGAAGAAACAAATGAATGCGTAAGGCCCTGGAGCTTCTTGAATAATGATCATACTGCAG
GTGGATTCAATCAGTGTGGCGCCTTCCATGGAGAGCCTAAATGGTGCCCTAACTCCTGAAG
CGGAGCACAAAGTTGCATGCTGTGTTTCATGGCATGGCTGTTTCCCTCATTTGGCACAGGC
TTCTTGCTCTCCAGGCGGAGAATGCTCTTAGAAAGCATGGGTACAGTGGTGCTCTACCAT
ACTGGGATTTGAGCTCGCCCCCTTCCCAACTTCTGATCTGGTTAGTCAATGAGCAGATATA
CAGATCCTTCCGACCATCACGTGAAGCATAAACCGTGGTTCAATGGCCACATCAGACAG
TAAATCAGGATACCACCAGAAGCGTACGGGAGGATCTTTATCAACAACCTGAATTTGGAC

ATTTACCGGATATTGCTCAACAAGTCCTCTTAGCATTAGAACAAGATGACTTCTGTGCT
TTGAAGTGCAGTATGAGATTTCCCATAAATTTTATCCATGCACTTGTAGGAGGAACCGACG
CTTATGGCATGGCATCGCTGAGATATACAGCATACGATCCAATCTTTTTCTTGCAATCATT
CAAAACCCGACAGGATCTGGGCTATTTGGCAATCCCTGCAAAAATACAGAGGCAAAACCGT
ACAACACTGCCAACTGCGCCATAGAAATCTATGAGAAGGCCCTGCAACCATTTGGACTAA
GCAGTGCCATTAAACCTGACAGAATCACCAGAGAGCATGCTATCCCGTTTGTATGCTTCA
ACTATAGAGATAACCTTTCATTACGTATATGATACCCCTGGAATTTAATGGTTTTCGATTT
CACAACTTGATAGAGAGCTGGAAAAAATCAAGAGTCACGAAAGAGTATTGTCTGGATTCT
TGCTGTCGGGGATAAAAAATCTGCTCTTGTGAAATTCGAAGTTTGTACTCCACCTGATA
ATTGTCATAAAGCAGGGGAGTTTATCTACTCGGGACGAAAACGAGATGGCTTGGGCCCT
ATGACCGACTTTTCAAGTATGATATTACTCAGGTTCTGGAAGCAAACCATCTACACTTCT
ATGATCATCTCTTCATTTCGCTACGAAGTCTTTGATCTTAAAGGAGTGAGTTTGGGAAGT
ACCTGTTCCACACTGCAAAATGGGTACATGATTCCGGCACAG

INTRON 1C/1D (SEQ ID NO:116)

GTACGTGGATTTGATTACATAGCAATGCTATATGATTTTCAGTAATTACAACCTCAAGTCA
TGTAGCCGTTTTAGATTGCATTACATCAACAGCATTGGATTAAATTTGGGGGATGTCCAG
GGCCGCAATTATGTTGCATTCCGAAAATAGTTTGTGTCCAGTGTCCACGTTTAAATTTAA
CCATTTAATCATATTAGGATAAATTTAATAGATGTTATAGTGCTTTATTTTCATATTGT
TACAGTGGACAGTCACCAAGGACATATTTTACTCTATAGATACACAACACCAATTTAA
CCCTGCTTTGGAAGGCTAACTTTTCCCCACAG

DOMAINE 1D

GCACCCGTGATCGTGATAACTACGTTGAAGAAGTTACTGGGGCCAGTCATATCAGGAAGA
ATTTGAACGACCTCAATACCGGAGAAATGAAAAGCCTTAGAGCTGCTTTCTTCGCATATTC
AGGACGACCGAACATATGAATCTATTGCCAGTACCATGGCAACACAGGCAAAATGTCAT
TGAATGATCATAAATATTGCGTGTTGTGTCCATGGTATGCCTACCTTCCCCAGTGGCACA
GACTGTATGTGTTTCAGGTGGAGAAATGCTCTCCTAAACAGGGGATCTGGTGTGGCTGTT
CTTACTGGGAGTGGACTGCTCCCATAGACCATCTACCTCATTTCATTGATGATGCAACAT
ACTTCAATTTCCGACAAACAGCGGTACGACCTTAACCTTTTCTTCAGGGGAAAGGTTACTT
TTGAAACACGAGTCACAACAAGGGACCCACAAGCCGGGCTCTTCACTCAGATTATATGT
ATGAAATGTTTTTACTTGCATGGAGCAGGAAATATTGTGACTTTGAAATTCAGTTTG
AGCTTGTTCATAACGCACCTTCATTCCATGCTGGGAGGTAAAGGGCAGTACTCCATGTCCT
CCCTGGACTATTCTCGGTTTGATCCCGTCTTCTTCTACATCATGCCAACACGGACAGAC
TGTTGGCAATCTGGCGAGGAATACAAGATTCCGAGAAGTGCCTTATGAAGACGGAAT
GTGCAATCAACCTCATGCAATCAACCACTGAAGCCGTTCACTGATCCACATGAGAATCACG
ACAATGTCACCTTGAATACTCAAACACAGGACGGATTTCGACTACCGAAGCACTTCG
GATACAAGTATGACAACCTTGAGTTCATCACTTATCTATCCCAAGTCTTGATGCTACCC
TGAAGCAAGGAGAGAAATCACGACAGAGTGTTCGCGGGCTTCCTTCTTCATAACATAGGAA
CTTCTGCTGACATAACTATCTACATATGTCTGCTGACGGACGGCGTGGCAATGACTGCA
GTCATGAGCGGGAACTTCATATCTCTCGGAGGCGAAACAGAGATGCCTTTTATCTTTG
ACCGTTTGTATAAATTTGAAATCACCAACCACTGCAACAGTTAGGAGTCAAGCTGCATG
GTGGAGTTTTCGAAGCTGGAGCTTGAGATCAAGGCATACACAGGTTCCATCTCGGATCCCC
ATACCTTTGATCCAACATATCATCTTTGAACCTGGAACAG

INTRON 1D/1E (SEQ ID NO:117)

GTAATGCCATCTTAATACAGTTCGTTGTTAAATATATATGTTGCTTTACAACACCATA
CCTTGAATTGAGGTAATACATCACTTGATATTGATAATGTAATGGTAAATGTTCTTGTTT
GTAAAAACCGTTTCTGGGGTGTTTATTACATATCCACCTGGTGGATAGTGAGTAAACACAT
TCGGTTTAAATATGGGTATCTAATGGACAGTGAAGTGTGCTGGCTAGGCAGATACCTTGGT
TTCTGTGAATGGAGGTAGTAGAAAGGGGTTTGTATGATTGCAG

DOMÄNE 1E

ATACCCATATCTTGGACCACGACCATGAGGAAGAGATACTTGTGAGGAAGAATATAATTG
ATTTGAGCCCAAGGGAGAGGGTTTCTCTAGTCAAAGCTTTGCAAAGAATGAAGAATGATC
GCTCCGCTGATGGGTACCAAGCCATTGCGCTCTTCCATGCCCTGCCACCACTCTGTCCCA
ATCCATCTGCAGTCAACGGTTATGCTTGTCTGTGCCATGGCATGGCTACATTTCCCCAGT
GGCAGACAGCTGACACTGTTCAAGTTCAAGGATGCCCTGAGGAGACATGGTTCACTTGTGTG
GTATTCTTACTGTGGACTGGACAAACCAGTCAACGAGTTACCCGAGCTTCTTCTTCTCAG
CAACATTTTATCATCCAATCCGGAATATTAATATTTCAATCCATTCTCGGGGCTGACA
TAGAATTTGAAGGACCGGGCGTTTCATACAGAGAGGCACATAAATCTGAGCGCCTGTTTC
ACAGTGGGGATCATGACGGATACCACAACCTGGTCTCTCGAAACTGTTCTCTTTGCTTTGG
AACAGGAAGATTACTGCGATTTTGAATACAATTTGAGATAGCCCATAAATGGGCATCCACA
CATGGATTGGTGAAGCGCAGTATATGGCATGGGACACCTTCACTATGCATCATATGATC
CAATTTTCTACATCCACCATTACAGACGGACAGAATATGGGCTATTTGGCAAGAGCTGC
AGAAGTACAGGGGTCTATCTGGTTCGGAAGCAAACCTGTGCCATTGAACATATGAGAACAC
CCTTGAAGCCTTTCAAGCTTTGGGCCACCTACAATTTGAATAGTCATACCGAAGAATATT
CAATGGCTGAGGACACGTTTGACTATAAGAAGTTTGGATACAGATATGATAGTCTGGAAT
TGGAGGGGCGATCAATTTCTCGCATTGATGAACCTATCCAGCAGACAGGAGAAAGACA
GAACTTTTGCAGGGTTCCTCTTAAGGTTTGGTACATCCGATCTGTCTCATTTGCAAG
TTTGACAGATTGATCACACCTGTAAGATGCGGGCTATTTCACTATTCTGGGAGGATCAG
CCGAATGCCATGGGCATTTCGACAGGCTTTATAAGTATGACATTACTAAACCTCTTCAGC
ACATGAACCTGAGGCACGAGGACACTTCTCTATAGACGTAACATACAGTCTTACAAATG
GAACAGTACTCTCGGGAGACCTCATTCAGACGCCCTCCATTATATTTGTACCTGGAGCGC

INTRON 1E/1F-1 (SEQ ID NO:118)

GTGAGTACCTGTTTGCACTAAGACTTCTGTAGGCTAAAAGTGTAAGAAATATCAATTAAT
TTCAATTCACCCAAACTTGAAACGGTACCTATATAGGTTAACTTTTTGTCTACAGTAA
CTGAACATACCTACACATTTTCATGAAATGATCTCTCAATATTTTCCACCACAG

DOMÄNE 1F-1 (1. Teil Domäne f)

ATAAATCAACTCACGGAACATACACCTAACAGAGTCCGCCATGAGCTAAGTAGCCTTA
GTTCGCGTGACATAGCAAGCTTGAAGGCAGCTTTGACAAGCCTTCAACATGATAATGGGA
CTGATGGTTATCAAGCTATTGCTGCGCTTCCATGGCGTTCTCGCGAGTGCCACGAGCCAT
CTGGACGGTAG

INTRON 1F-1/1F-2 (SEQ ID NO:119)

GTAATTTTACAGAGCTTTATGAAGTGTGTTCAAGAGTGAAGAGACCAAGATATACTTATAC
CCAAAACAGCTAGCAACAGACGATTTCACCTGTTTCGGACACTTTGTATATACGTTGG
ATCCCAAGGTAACGGAAACGTAACCGAGAATCAGTCCGTAAGTGAGTGAGTTAGTTTG
GGGCTTAACGTCGCATCAGCAATACCCAGCTATGTGGCGACTCTCAGATTTACTGCTG
GAGGAGAACCCTACATAGCCCGGTTTAAACCGTGGGTATGTAGTAAGACACGCGCGCAT
GGCTGGTATCTGACGGAGGAAGGGTGGCGCTGCACGATTTCCAGTGGTACAACACTGCAC
CCCAATTTACCGACCGGAGAACCTGATCTCCCTTCGGAGATATCGCTGCTCTCCAGCG
GATTGCAACTCGGTGACCTTCAAGCCAGCGCGCTTCTAGCGGGGGCGATTAGAGGTTNAA
GGCCGACGGCTCTACCACCTTAACTATCCCCGGGCCCCACTCCTGACGGAAATGTTTATA
ATTACGCTTTGTTTTTCTATTAAACACTTCTGGCAGATTTCTATAGATAATGGATTCA
CATGTAGACAGTCTCCCATTTGTTGTAACGTGGTAGTCAAGAGTTAGAATCTGAATACATTC
TCCAAGATGGATCAAGGAAAACAATAATTACTTGTATGTTGCG

DOMÄNE 1F-2 (2. Teil Domäne f)

ATCGCCTGTTGCATCCACGGCATGGCGACGTTTCCTCACTGGCACCGGTTGTACACTCTG
CAGTTGGAGCAAGCGCTGCGCAGACACGGGTCCAGTGTTGCTGTTCCATACGTGGGACTGG
ACCAAGCCAATCACCGBAACTGCCACACATCTCTGACAGACGGAGAAATATTATGACGTTTGG
CAAAATGCCGCTCTGGCCAAATCCGTTTGCAAGAGGTTATGTGAAAAATTAAAGATGCATTT
ACGGTGGAGAAATGTCCAGGAAAGTCTGTTCAAAATGTCAAGTTTGGAAAGCACTCGCTT
CTGTTTGACCAGGCTTTGTGTGCTCTGAACAACTGACTACTGTGATCTCGAAGTTTCAG
TTTGAAGTGATGCATAACACGATCCATTATCTCTAGGAGGGCGTCAACAGTACGCGCTT
TCCTCTCTCGAGTATTCTCATACGATCCAATCTTCTTTATTCACCACTCGTTTGTGTGAC
AAAATATGGGCTGTATGGCAAGAACTGCAAGAGCAGGAGACATCTACAGTTTAGAACAGCT
GATTGTGCTGTGGGCTCATGGGTGAGGCAATGAGGCTTTCAACAAGGATTTCAACCAC
AACTCGTTCACCAAGAAGCAGCGAGTCCCTAATACAGTATTGATTATGAAGATCTTGGC
TATAACTATGACAACCTTGAAATCAGTGGTTTAAACTTAAATGAGATCGAGGCGTTAATA
GCAAAACCGCAAGTCACATGCTAGAGTCTTGTGGGTTCCTGTTGTTGGATTAGGAAC
TCGGCTGATATACATCTGGAATTTGCAAGACATCGGAAACTGCCATGATGCTGGTGTG
ATTTTCATCCTTGGAGGTTCTGCGAGAGATGCATTGGGCATACACCGCTCTACAAGTAT
GACATTACAGAACGATTCGAGGAATTTGACATCAACCTGAAGATGTTTTCATGCTGAT
GAACCATTTTCTGAGGCTGTGCGTTGTGTGCTGTGAATGGAAGTGTGCTTCCATCGTCT
CATCTTCACCAAGCAACGATAATCTATGAACAGGCGGAAG

INTRON 1F-2/1G-1 (SEQ ID NO:120)

GTGAGATATATGCAAAATGAATGTTGTCCAGATGCGTTGTTTACATTTATATGCTTGGAA
TTGCTCTGAACGAATACAGTGGAAATACCAAAAGCTGAAAAATAAAGATATATACTTTC
ATTCGAAATTTGTAGTATTGCTGACCCAAAACAGGTATCCATGTGACACTATATTT
GCCTTCTGAATCTGAGACTGCGTTATGTTCTAATAATCACGAAATATGGTATACAGGT
TGTGTATCTGTAGAATACCAAGGCAGAAATTAAGGGTCACACCTGTTTAAATACAG

DOMÄNE 1G-1 (1. Teil Domäne g)

ATCACCATGACGACCATCAGTCGGGAAGCATAGCAGGATCCGGGGTCCGCAAGGACGTGA
ACACCTTGACTAAGGCTGAGACCGACAACCTGAGGGAGGCGCTGTGGGGTGTGATGGCAG
ACCACGGTCCCAATGGCTTCAAGCTATTGCTGCTTCCATGGAAAACCAAGCTTTGTGTG
CCATGCCTGATGGCCACAACACTACTCATGTTGTACTCACG

INTRON 1G-1/1G-2 (SEQ ID NO:121)

GTAAGTTTGTGTTGGTTAGTGTGGTTGCATGTTTTGCCATATCGATAGTATCAGTGTGG
TAACATCTGGTTTCTAGTTCACTCAGTTCACCTTATCAGAAGCTGTTTGCCTCTCGTCTAC
GATGTGACGCTCTTTCAGTTTATAGAACCGTGTACATCCGGGTTATATGCTGCTCCAGCAA
CCGTGCTTGTGTCGGGAGGCCACTGATGGGAACGGGTGGTCAGACTCGCTCACTTAGTT
GACACATGTCAATTGCGAAGATCGATGCTGAGGTTGTTAAACATTGGATTGTCTGGTCCA
GACTCGATTATTTACAGACAGCCGCCATGTACCTGGAATATTGCTGAGTGGCGCGTTAA
CAACAACTAGTCAGACTAATCTTCACTGTTTATAATGATGGCTCGAACCCTAGCACTCA
TGTCCCAAGTTGGCGAACATCTGGAAGGGAATTTCAAATGAAAGAACAACTCTTTCACGT
CTATTGGTATCACGCTCCTGGAGAAGAACATGATGTTACGGCGGTTACTTCCCTCTACCT
GTTTACTTGTGCCACGTTTCTCATATTTAAAGAGTATTTGGGTATTAGAGCTTTGGT
GCTGTTACAAATGCTACTCACTGTTTCAGTGCGGGCGACCGCGCTTGTTTACAACTTAAGT
TTTGTTTGTGTGTTGGTTTGT
TGTGTGTGTGTGTGTATCTATGTCTATGTGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
TGTGTCTGTGTCTATGTGTGTGTGTGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
TGTGTGTGTGTGTGTGTATGTGTGTGTATGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT

TGTGTCTATGTGTGTGACATGCAATACATGCTGTGATACTCACTAGCTGCGTCTATCGAC
CAG

DOMÄNE 1G-2 (2. Teil Domäne g)

GCATGGCTACCTTCCCACACTGGCATCGCCTCTACACCAAGCAGATGGAGGATGCAATGA
GGCGCGATGGGTCTCATGTGCGCTGCCCTACTGGGACTGGACTGCTGCCTTCAACCACC
TGCCAACACTGGTCACCGACACGGACAACAACCCCTTCCAACAT

INTRON 1G-2/1G-3 (SEQ ID NO:122)

GTAAGACGCGGGTAGGGATGGGTGGTAGGGGGTGGGTTGTTCTATTACTTCCCGCTTCA
CTTGTATGAAATGGATAACCTTGGCTGCATCCCAATTGCGTGATCGATTCTCTTTCGATT
CACTCGTGCATTAGACTGCCTTATTACTATAGTAGTTAGAATGTTGCTCAGTGCGCCG
TTAAACAACATAATACAAAAACCGCATTGTTTATATGGTCACTCTACTGTTTATCACG
TATATGATGTGTTCCGACTCACTGGTGGTGCGTACCATTCTACTGTCACACTGAGAGCCA
ATGTCTCAGATGTGTGAAATGTTTGAAAGCCGTTTCTACATAATATTGCAGGAATACCA
TTGTAGAATGTAGTCAAAACAGGTAACAATCTGTTAGTGAGCCCAAGTTCGAGGTTGCGTTG
TAGGGTGTAGTCCACAGGTAGGCACTCCATAAGCATAGTTTTTAAGCATTTTAGATCAT
CTATAATTAAACACATGGTTAGCCGCTATGTTTAGTTTAAATCCAGTATAAGTTAGAACG
TTATATTTTGAAGGGAAGTGAGTAATCCTTATTCTTGAAGTACCATTATATAGATTTC
CAATGACTCCATTCAACTCCTAATCTTCAATCACTGCTCTCTTCAACAG

DOMÄNE 1G-3 (3. Teil Domäne g)

GGACACATTGATTATCTCAATGTCAGCACAACTCGATCTCCCCGAGACATGCTGTTCAAC
GACCCCGAGCATGGATCAGAGTCGTTCTTCTACAGACAAGTCCTCTTAGCTCTGGAACAA
ACTGATTTTCTGCAAAATTCGAAGTTTCAGTTTGAGATAACCCACAATGCCATCCATCTCTGG
ACAGGTGGCCACAGCCCTACGGAATGTCCACTCTCGACTTCACTGCCTACGATCCTCTC
TTCCTGGCTTCCACACTCCAACACCGACAGAATCTGGGCTGTCTGGCAAGCTTTGCAAGAA
TACAGAGGACTTCCATACAACCATGCCAATTGTGAGATCCAGGCAATGAAACGCCCTTG
AGGCTTTTCAGTGACGATATCAACCAACCCAGTCACAAGGCTAACGCCGAAGCCATTA
GATGTGTTTCGAGTATAATCGGTTGAGCTTCCAGTACGACAACCTCATCTTCCATGGATAC
AGTATTCGGGAACCTTGATCGCGTGCTTGAAGAAAGAAAGGAGGAGGACAGAAATTTGCT
GCCTTCTCTCACTGGAATCAAGCGTAGTGCTGATGTAGTGTTTCGACATATGCCAGCCA
GAACAGAAATGTGTGTTTCGACAGGACTTTTGCAGATTTGGGAGGGGAGCTAGAAATGCC
TGGTCTTTCGACAGACTGTTCCGCTATGATATACCAAGGTGATGAAGCAGCTACACCTG
AGGCAATGACTCTGACTTTACCTTCAGGCTGAAGATGTGCGGCACCGACGCCACGAGCTT
CCTTCAGACAGTGTCAAAAGCACCAACTATTGAATTTGAACCCGGCG

INTRON 1G-3/1H (SEQ ID NO:123)

GTGAGTACGACAGGCATTCTAGTAAAAACCTACTTTTGGTAAAAGGTTTCGAGAAATCAC
TTGAAGCAACAACATGATTTTGTAAACGCCTATTACACGTGAACATGTACACCCCGGTGAT
GCCGTTTAAATGACATGCCTCTGTTAATGAAAGGGTAAGTACATGTGTATGGGGATGGG
ATGGGAGCCACCTGTCCCAATTCATAGGTCCCTAGGATCCCAGTTGCGTAGGAATCCCC
TGATTAATGCCCTTGTGAATTCCTCCTGGAATGCTCGGCCCAAAATTTTACAAACCCGC
CCCGATATACCTTGGAAATAATTGGGCCTAAGGGTGGGGCTTTTAAAGACCAAGAACCCA
ACCTAAACCCCAACCATTTTTCACCCCATTCAGGTTTGTGTTTACCAATAAAAAG
GTTTCCACTTTGAGGAAACCCCTTAAGGGTTCTTTTCAGGGGTTTTCCTTTCTGCGGA
ATTCCAATTCGGGGGGAACAAATACATATATTTACAGACCTTTGGTCAAATTTATATA
ATTTCCGACTTCATGTATAGGTTTGTCTTTCTTCTACACAG

DOMÄNE 1H

TGCACAGAGGGCGGAAACCACGAAGATGAACACCATGATGACAGACTCGCAGATGTCTCTGA
TCAGGAAAGAAGTTGACTTCCTCTCCCTGCAAGAGGCCAACGCAATTAAAGGATGCATGT
ACAAGCTCCAGAATGACGACAGTAAAGGGGGCTTTGAGGCCATAGCTGGCTATCACGGGT
ATCCTAATATGTGTCCAGAAAGAGGTACC GACAAGTATCCCTGCTGTGTCCACGGAATGC
CCGTGTTCCTCCCATCGCACCGCTGCATACCATTCAGATGGAGAGAGCTCTGAAAAACC
ATGGCTCTCCAATTGGGCATTCTCTACTGGGATTGGACAAAGAAGATGTCGAGTCTTCCAT
CTTTCTTTGGAGATTCCAGCAACAACAACCCCTTTCTACAAATATTACATCCGGGGCGTGC
AGCACGAACAACCCAGGGACATTAAATCAGAGACTCTTTAATCAAACCAAGTTTGGTGAAT
TTGATTACCTATATTACCTAACTCTGCAAGTCTTGGAGGAAAACTCGTACTGTGACTTTTG
AAGTTACGATGATGATCTCCATAACGCCGTCCACTCTGGCTTGGAGGAACTTGGAAGT
ATTCCATGTCTACCTGGAGCATTCGGCCCTTTGACCTGTCTTCATGATTCACTCTCGA
GTTTGGATGAAATCTGGATCCTTTGGCAGAAAGTTGCAAAAGATAAGAATGAAGCCTTACT
ACGCATTGGATTGTGCTGGCGACAGACTTATGAAAGACCCCTGCAATCCCTTCAACTACG
AAACCGTTAATGAAGATGAATTCAACCGCATCAACTCTTTCCCAAGCATACTGTTTGACC
ACTACAGGTTCAACTATGAATACGATAACATGAGAATCAGGGGTCAAGACATACATGAAC
TTGAAGAGGTAATTTCAGGAATTAAAGAAACAAAGATCGCATATTTGCTGGTTTTGTTTTGT
CGGGCTTACGGATATCAGCTACAGTGAAAGTATTCAATTCATTTCGAAAAACGATACAAGTC
ACGAAGAATATGACAGGAGAATTGTCAGTTTGGGAGGTGAGAAGGAGATGCCGTGGGCAT
ATGAAAGAATGCTGAAATTGGACATCTCCGATGCTGTACACAAGCTTCAAGTGAAGATG
AAGACATCCGTTTTAGAGTGGTTGTTACTGCCTACAAACGGTGACGTTGTTACCAACGAGCG
TGCTCAGGCATTCATCGTCCACCGTCCAGCCCATGTGGCTCACGACATCTTGGTAATCC
CAGTAGGTGCGGGCCATGACCTTCCGCCCTAAAGTCGTAGTAAAGAGCGGCACCAAGTCG
AGTTTTACACCAATAGATTTCGTGCGGTGAACAAAGCAATGGTGGAGCTGGGCAGCTATACTG
ATTGAACCTGCAAGACCATTAACAGGAAAAATGGGGCAGATACGATCAAAGACAGTGTAAAA
TAGGGATAAGTAGGCATATGCAACCACTGATGGAAATGAAAAGGGGTAAAGTTTAAACCC
CGGCTACCAAGGTTCCAATGGTTCTTAACCCAGCTTACGCTATCCCTCTAATTTTCAGTA
TTGAGCTGATTTCTGTGCGAGTTTCATGTAACCTGTATACTTTCTGTATTATTACAG

3'UTR

TTCACAG

INTRON 3'UTR (SEQ ID NO:124)

GTGAGGAGAAGGCCCCAGGCTAGCAGGGCAATGGATGAAGGAAATAGGGGCCAAAGGGAAT
AGCAGTTACACCATTCGACATTTCCAACCTCCTCAGAAACTAATATATAGCCTTAATACAA
CCAGCCAAAGACTCAACGGGCAGCCGGGGTGGGGGGATTGGTGGTGCCTGTTTCAGACCA
GGGTGCAAAATATCAGTGCGCAAAATCAACATGTTGCGTGTGACACACTGACACAGCAGTC
ATTGAACCTGCAAGACCATTAACAGGAAAAATGGGGCAGATACGATCAAAGACAGTGTAAAA
TAGGGATAAGTAGGCATATGCAACCACTGATGGAAATGAAAAGGGGTAAAGTTTAAACCC
CGGCTACCAAGGTTCCAATGGTTCTTAACCCAGCTTACGCTATCCCTCTAATTTTCAGTA
TTGAGCTGATTTCTGTGCGAGTTTCATGTAACCTGTATACTTTCTGTATTATTACAG

3'UTR

GTTGCTATGCCGACTGCGCTATATTGGTGAACGAGACGATGAGGACATCTCTGAAAGAGT
TCGCCAAGTGAATGTAGGTCAAGGAAAGTATTGTTGAGCTAAACAATATGATGATTTCAAA
ATGACTTTGGCGCTCTAGGACAAAGACATAATTCATCAGCACCCCTGTGCAACCACTCTTTG
TTTGCTGCAAACTGTGACAAGCGACACGTCAATCAACAAGCTGTTCAAACTCAAGTGGGA
TGTAACCTAGAAATCGTTGGGCCATCGTTCAACAAGTATTGACAGATGTACACATGATGGC
GAGAAACACTTTAGAAGCTTTAATGACCTAGAGTGAGTTGTAATATGTAAATATATTCT

TCAAAGACTCAGCTGAACTATTGTTGGATAACACATCAATTCCTCAACAAAATGCTTTA
TCTTCACATGGATGTATGTAATGTGGCCGGCAATAAAGTATATATATGTAT

Figur 5

Primärstruktur des HtH1-Proteins

SIGNALPEPTID

LVQFLFLVALVVGAGA

DOMÄNE A

DNVVRKDVSHLTVDEVOALHGALHDVSTAGPLSFEDITSYHAAPASCDYKGRKIACCVHGMPSFP
FWHRAYVVQAEARALLSKRKTVMGPMYDWTQTTLTHPLSLVTEPIYIDSKGGKAQNTYWYRGEIAFIN
KKTARAVDDRLFEKVEPGHYTHLMETVLDALEQDEFCKFEIQFELAHNAIHYLVGGKFEYSMSNLE
YTSYDPIFFLHHSNVDRLEFAIWQRLQELRGKNPNAMDCACHELAHQQLQPFNRDSNPVQLTKDHSTP
ADLFDYKQLGYSYDSLNLNGMTPEQLKTELDERHSKERAFASFRLSGFGGSANVVYVACVPDDDDPR
SDDYCEKAGDGFILGGQSEMPWRFYRFFFYDVTEAVHHLGVPLSGHYVKTLEFSVNGTALSPDLL
PQPTVAYRPGK

DOMÄNE B

GHLDPFVHRHDDLLIVRKNIDHLTREEEYELRMALERFQADTSVDGYQATVEYHGLPARCPRPDA
KVRFACCMHGMAFPHWHRLFVTQVEDALVRRGSPIGVPYDWTQKPMTHLPDLASNETYVDPYGH
HNNPFENANISFEEGHHHTSRMIDSKLFAFPAFGEHSHLEDGILYAFEQEDFCDFEIQFELVHNSI
HAWIGGSEDSYMATLHYTAFDPIFYLHHSNVDRLEWAIWQALQIRRHKPYQAHCAQSVEQLPMKFFA
FPSPLNNNEKTHSHSVPTDIYDYEVLHYSYDDLTFGGMNLEIEEAHLRQQHERVTFAGFLLAGI
GTSALVDIFINKPGNQPLKAGDIAILGGAKEMPAFDRLYKVEITDSLKTLSLDVDGDYEVTFKIH
DMHGALDLDLIPHAHVSEPAH

DOMÄNE C

PTFEDEKHSLRIRKNVDSLTPETNELRKALELLENDHTAGGFNQLGAFHGEKWCNPPEAEHKVA
CCVHGMVFPFHWHRLALQAEALNRKHGYSALGPYDWTPLSLQPLDLSVSHQYTDPSDHHVKHNP
WFNGHIDTVNQDTRSREDLYQQPEFGHFTDIAQQVLLALEQDDFCSEFVQYIEISHNFIHALVGG
TDAYGMASLRYTAYDPIFFLHHSNTDRLEWAIWQSLQKYRGKPYNTANCAIESMRRPLQPFGLSSAI
NPDRITREHAIPFDVFNRYRDLNHYVYDTLEFNGLSISQLDRELEKIKSHERVFAGFLLSGIKKSA
VKFEVCTPPDNCHKAGEFYLLGDENEMAWAYDRLFKYDITQVLEANHLHFYDHLFTRYEVFDLKG
VLGDTLFTANVVHDSGT

DOMÄNE D

GTRDRDNYVEEVTGASHIRKNLNDLNTGEMESLRAAFLHIQDDGTYESIAQYHGKPGKCQLNDHNI
ACCVHGMPTFPQWHRLYVVOVENALLNRGSGVAVPYWEWTAPIDHLPHFIDDATYFNSRQORYDPN
PFFRGKVTFENAVTTDRPQAGLFNSDYMYENVLLALEQENYCDFEIQFELVHNLHSMGLGGKGQYS
MSSLDYSADFVFFLHHANTDRLEWAIWQELQRFRELPYEEANCAINLMHQPLKPFSDPHENHNV
LKYSKPDGDFYQNHFGYKYDNLEFHHLISPSLDATLKQRNRHDRVAFAGFLLNIGTSADITIIYIC
LPDGRRGNDCSHEAGTFYILGGTEMPFIIDRLYKFEITKPLQQLGVKLHGGVFELELEIKAYNGS
YLDPHTFDPTIIFEPGT

DOMÄNE E

DTHILDHDEHEEILVRKNIIDLSPRERVSLVKALQRMKNDRSADGYQAIASFHALPPLCPNPSAAH
RYACCVHGMATFPQWHRLYTVQVDALRRHGSLVGIPYDWTQKPVNLELLSSATFYHPIRININI
SNFFLGADIEFEGPGVHTERHINTERLFHSGDHGDYHNWFFETVLFALEQEDYCDFEIQFELAHNG

IHTWIGGSVAVYGMGHLHYASYDPIFYIHHSQTDRIWAIWQELQKYRGLSGSEANCAIEHMRTPCLKP
FSFGPPYNLNSHTQEYSKPEDTFDYKKFGYRYDSLELEGRSISRIDEIQQRQEKDRTFAGFLLKG
FGTSASVSLQVCRVDHTCKDAGYFTILGSSAEMPWAFDRLYKYDITKTLHDMNLRHEDTFSIDVTI
TSYNGTVLSGDLIQTPSIIIFVPR

DOMÄNE F

HKLNSRKHTPNRVHRELSLSSRDIASLKAALTSLQHDNGTDGYQAIAAFHGVPAQCHEPSGREIA
CCIHGMATFPHWHRLYTLQLEQALRRHGSSVAVPYWDWTKPI TELPHILTDGEYDVWQNAVLANP
FARGYVKIKDAFTVRNVQESLFKMSSFGKHSLLFDQALLALEQTDYCDFEVQFEVMHNTIHYLVGG
RQTYAFSSLEYSSYDPIFFIHHSFVDKIWAVWQELQSRRLQFRITADCAVGLMGQAMRPFNKDFNH
NSFTKKHAVPNTVFYEDLGYNYNLEISGLNLNEIEALIAKRKSHARVFAGFLLFGLGTSADIHL
EICKTSENCHDAGVIFILGSSAEMHWAYNRLYKYDITEALQEFDINPEDVFHADEPFFLRLSVVAV
NGTVIPSSHLHQPTIIIEPGE

DOMÄNE G

DHHDDHQSGSIAGSGVRKDVNTLTKAETDNLREALWGVMAHGPNGFQAIAAFHGKPAFCMPDGH
NYSCTTHGMATFPHWHRLYTKQMEDAMRAHGSHVGLPYWDWTAATHLPTLVTDTDNNPFQHGHI
YLNVSSTRS PRDMLFNDPEHGSSEFFYRQVLLALEQTDCKFEVQFEITHNAIHSWTGGHSPYGM
TLDFTAYDPLFWLHHSNTDRIWAVWQALQEYRGLPYNHANCEIQAMKTPLRPFSDDINHNPVTKAN
AKPLDVFEYNRLSFQYDNLIFHGYSIPELDRVLEERKEEDRIFAAFLLSGIKRSADVVDICQPEH
ECVFAGTFAILGGELEMPWSFDRLFRYDITKVMKQLHLRHDSDFTRVKIVGTDHDELPSDSVKAP
TIEFEPE

DOMÄNE H

VHRGGNHEDEHHDRDLADVLRKEVDFLSLQEANIKDALYKLQNDSSKGGFEAIAGYHGYPNMCP
ERGTDKYPCCVHGMPPVFPWHRLHTIQMERALKNHGSPMGIPYWDWTKMSSLPSFFGDSSNNNPF
YKYYIRGVQHETTRDINQRLFNQTKFGEFDYLYYLTQVLEENSYCDFEVQYEILHNAVHSLWGGT
GKYSMTLEHSAFDPVFMIIHSSLDRIWILWQKLQKIRMKPYALDCAGDRMLKMDPLHPFNYETVN
EDEFTIRNSFPSILFDHYRFNFEYDNMRIRGQDIHELEEVIQELRNKDRI FAGFVLSGLRISATVK
VFIHKNDTSHEEYAGEFAVLGGEKEMPWAYERMLKLDISDAVHKLHVKDEDIRFRVVVTAYNGDV
VTRLSQPFIVHRPAHVAHDILIPVGAGHDLPPKVVKSGTKVEFTPIDSSVNKAMVELGSYTAM
AKCIVPPFSYHGFEKLDKVSVDHGDYIIAGTHALCEQNLRLHIHVEHE

Figur 6

Genomische Sequenz des HtH2-Gens

DOMÄNE 2A-1 (1. Teil Domäne a) [Domäne a Teile 1-4: SEQ ID NO:156]

GGTCTTCCGTACTGGGACTGGACGCAGCATCTGACTCAACTCCCAGATCTGGTGTCTAGACCCCTTG
TTTGTCTGACCCGGAAGGAGGAAAG

INTRON 2A-1/2A-2 (SEQ ID NO:125)

[illegible]

DOMÄNE 2A-2 (2. Teil Domäne a)

GCCCATGACAACGCATGGTATCGTGGAACATCAAGTTTGAGAATAAGAAGACTGCAAGAGCTGTT
GACGATCGCCTTTTCGAGAAGTTGACACGAGAGAGAAATCCCGACTCTTTGAAGGAATTCCTGAT
GCTCTTGAACAGGATGAATTCGCAACTTCGAGATCCAGTTTGAGTTGGCTCAACAGCTATCCAC
TACCTGGTTGGCGGCCCTCACAC

INTRON 2A-2/2A-3 (SEQ ID NO:126)

GTAGTACAGCTTCTCTCTGTGGTCACGAGTCACGTTCTCTGTAGGTCACGAGTCACGTTCTCTGTAGT
GTCACGAGTCACGTTCTCTGTATGGTCACGAGTCACATTTCTGTAGGTCACGAGTCACATTTCTCTG
TTAGGTGAAGTCTCAGTACCAATTTATTTCTCTTACCTCTCTTAACCAGGGGTTTCAGCGTGGATC
GCTCTGAGAAGTTAGCGCAAAATCTATATTTGAAGTCATTTTCTATCATATAACCATCGTTATATCCA
CGTGCAGAAAGTGTTCATTAATTTATTTTATTTTCATTTATGAAGTCTAAAGAAATAATGATTGT
TTGGAACATCTATTTCTGAAGGTGAAGGCCAACACGAGTGATTAATATTTCAATATCAATGTACCGCT
CTCTCAGCACCTGTTTACCAGGAAATACACCTTTAGCTTACCAAAATATCAGCTGATGATTTCGA
AGCGGCATATACCTCACCACCTGTTTTGTGTGTATTATGTGTGCATGTGTGTGCGTGGCTG
GTGTGTGTGTGTCCCTACCATGTTGATATTTGTTCTGACGTGATATGTTCTGTGCTTACCATTG
AAG

DOMÄNE 2A-3 (3. Teil Domäne a)

GTACTCCATGTCATCTCGAGTACACCTCCTACGACCCCTCTTCTTCTCCATCACTCCAACAC
CGACCGCATCTTCGCCATCTGGCAACGTCTTCAGGTA CT CAGAGGAAAGGACCCCAACACCGCCGA

CTGCGCACACAACCTCATCCATGAGCCCATGGAACCGTTCCGTCGGGACTCGAACCCCTCTTGACCT
CACCAGGGAAAACCTCCAACCAATTGACAGCTTTGATTATGCCACCTTGGCTACCA

INTRON 2A-3/2A-4 (SEQ ID NO:127)

GTATGTATGATTCTAATAATGAATGTTTTACCTCCGGTTTAAACAATATTTTAGTATTACGAAAG
GAGAAGTACCTCGAGAGGCTCAGGTCTCAGATGTTTAGAAACCCATGAAGACAGGTATGCTTCTGA
AAAACAAGTAACATCATGAGGCTAAAGTTCAGATTCAAACCATCGTAGTTCGAATCCAGCATGCA
AAGGGCCCTAACCTGTAGATGGCGCTGCTTGAACAGAGTAGTCTGTTTCAGGGTCAGTACTGTCC
CCACAACACATCATAGTCAGGGTCAGTACTGTCCCCACAACACATCATAGTCAGGGTCAGTACTGTCC
CCACAACATCAGAGTCAGGGTTAATTTTGGATTTCGGTTTCGAATGCGAAGAAGACAGTCACGCCCC
TGACACTGGACCGAGGTTGCCGAGAAAGCTCGTGATATTGCTGGAATACTGCCAGTAAACCATC
ATTTATTTTAGGCTATTTATTACGAAAAATAATAATGTATAGAATGCATATGATCGCTGTTTG
AATGTAAAAATTAGAATGGGTTTGGGAGTGTTCACTATTTTTCATCAAAATTTTCATGTATTTTAA
CCGATCGACGCTGAAGACAAACATACCGTTAATCAGGCAGTTTCAATCATATCTGATAGGGAATATTG
GTTGTTAACCAACGCTACATTGTGTCAG

DOMÄNE 2A-4 (4. Teil Domäne a)

GTATGATGACTTGACCTGAACGGTATGACCCAGAGGAATTGAATCATATCTGCATGAACGGTC
AGGCAAGGAGGGGGTGTTCGCAAGCTTCCGACTCTCAGGTTTTGGCGGCTCTGCTAACGTTGTTGT
CTACGCATGCCGCTCTGCCACGATGAAATGGCTGTCTCATCAGTCGCAGCAAGGCGGGGCACTTCTT
TGTGTTGGGCGGACCCACCGAGATGCCCTGGAGGTTTACAGAGCAATCCACTTCGACGTCACCGA
CAGCATCGACACATCGACAAGGACCGCCACGGCCACTATTATGTAAGGCGGAATTATTTCAGTGT
AAATGGAAGTGCCTACCGAATGATCTCTGCCTCAACCCACCATTCTCACACAGGCCAGCCCGCGG
ACACGTTGATG

INTRON 2A-4/2B (SEQ ID NO:128)

GTAATGGCCATTGTATACATGCATTCATTGGACCTTGAGTGAGTGAGTGGATGCGTATTACGTA
AGTGAGAGTGTGAGTGGGTATTAGGCTCTGTGAGTGGGTTGGTGAGTGGATGGGTGAGTAAGAGTGG
GTTGGTGAGAAAGTGAGTGAGTCACTTGTGTTGGTGCGTTAGTGGAAGCGGTGATTGAGTGGATGGGA
GGTAGGTGAGTGAGTGAATTGGTGGGGGGGTGAGTGAGGTTAACGCTGTTCTGCTGTTCAATCACA
CCACATGTTTGGCAGCTTACTGTGCAGGACGAATCCAGGGTTGTGTTAAATTTTATATGTTTATATA
TAACGATGGACGTGTCTGGATGTGGCGAATGTGTCAAGAGAATTATGCGGGCTTTGTGCTGTCCCG
GTATTTATTGACCGCGCGTTTGTGTACGCGTTGATAAAGTAGTTCAAAACATTTCCAGCCACTTCTT
GTCGTTGTGAAAACCTACTCCAGGACCATCCATTTCATATGTGTCTGCGTTTCATGGAGTTATAC
ATGTTAACTGTAGAGCGCAGATGAGCACACTTGAGCATTTCTTCAGTAAATCAGAAATGTGTATAT
TTCAAAATTTACCAAAATGCAATATCATCAAGCAAATTTATGCAGCTCTATAGTAAACATCGGAGTCAA
TGGTCCAGTGTGCCCTCGGCTGCCATTCCGACCTCCCTGGCCAGAATACACCCCGGTGAGGATCAG
TTATCCGTCAGAAAGGACCGGTGCGGAATGAAACATAAACACATAGTCGCTTGATAGTATGCTGAT
TTAGGCACGCAAAATCCGAATGTGAATTACTGTGAATTGCATTACCTGTTACAG

DOMÄNE 2B

AGGCCCCAGCTCCCTCTCGGATGCTCACCTCGCCGTGAGGAAGGATATCAACCATCTGACACGCG
AGGAGGTGTACGAGTGTGCGCAGAGCTATGGAGAGATTCCAGGCCGACACATCCGTTGATGGGTACC
AGGCTACGGTTGAGTATCACGGCTTACCTGCTCGATGTCCATTCCCGAGGCCACAAATAGGTTCC
CCTGTTGTCATCCACGGCATGGCGACATTCCTTCATTGGCCACAGACTGTTCTGTTACCCAGGTTGGAG
ATGCATGATCAGGCGGAGGATCCCTATAGGGGTCCTTACTGGACTGGACTCAGCCTATGGCAG
ATCTCCAGGACTTGCAGACAACGCCACCTATAGAGATCCCATCAGCGGAGACAGCAGACACAACC
CGTTCCACGATGTTGAAGTTGCCCTTTGAAAATGGGCGTACAGAACGTCACCCAGATAGTAGATTGT
TTGAACAACCTCTATTGGCAACATACCGGCTCTCTCGACAGTATAGTCTATGCTTTGGAGCAGG
AGGACTTCTGCGATTTTGAAGTTCAATTTGAGATGACCCATAATAATTACGCGCTGGATTGGTG

GC GCGCGGGAAGTATTCATGTCTTCTTACACTACACAGCCTTCGACCCTATCTCTCACTTCATC
ACTCCAACACTGACCGTCTCTGGGCAATTTGGCAAGCGTTCGAGATACGAAGAAACAAACCGTATA
AGGCTCATTTGGTCTGGTCTGAGGAACGCCAGCCTCTCAAACCTTTTCGCTTCAGTTCCCCACTGA
ACAACAACGAAAAAACCTACGAAAACTCGGTGCCCAACCAACGTTTACGACTACGAAGGAGTCCTTG
GCTATACTTATGATGACCTCAACTTCGGGGGCATGGACCTGGGTGAGCTTGAGGAATACATCCAGA
GGCAGAGACAGAGAGACAGGACCTTTGCTGGCTTCTTTCTGTACATATTTGGTACATCAGCGAATG
TTGAAATCATTATAGACCATGGGACTCTTCATACCTCCGTGGGCACTTTGCTGTTCTTGGCGGAG
AGAAGGAGATGAATGGGGAATTTGACCGTTTGACAAATATGAGATTACAGATGAACCTGAGGCAAC
TTAATCTCCGTGCTGATGATGGTTTCAGCATCTCTGTTAAAGTAACTGATGTTGATGGCAGTGAGC
TGTCCTCTGAACATCATCCCATCTGCTGCTATCATCTTCGAACGAAGCCATA

INTRON 2B/2C (SEQ ID NO:129)

GTAAGTAGCTACCTGTTTATTCAATTTTTTCGCTTTGCCAATCAATTCATTAGCTTGAAATTCAA
TAATTTGTTTTGTCATGGCTGAAACCAATTTGAACCTTTTTCTTTCTCAGGTTCGAACCTCAAATA
AATAATCACTAATTTGTTATGACGCGGGTAGGGCATACATACTATATCCACATCCGTCATCTCAA
ATGCAACAAATTTGCTTTATTTCCGTTGGGACAAGCAACCCCTTTCTCTGTAATCTTGCTTTTG
CATCCACTGGAAATTAATGTTGACTGGTAATTGATACTGGCTCTCTCTTGTGATAGAGTTAAATATCT
ATAGTTTGTAATCTTTATGATTTTGCTATTATATTTTCGACAGCATGCTATAGACACCTAGACT
ATTGTAAGCCACTGTATTGTTTTCCATTATATTTATAACAGAACATGGCTTGTAAATTTTA
TTTACCTTCCAG

DOMÈNE 2C

TTGACCATCAGGACCTCATCAGGACACAATCATCAGGAAAAATGTTGATAATCTTACACCCGAGG
AAATTAATTTCTCTGAGGAGGGCAATGGCAGACCTTCAATCAGACAAAACCGCCGGTGGATTCCAGC
AAATTTGCTGCTTTTCACGGGAACCAATGGTGCCCAAGTCCCGATGCTGAGAAGAAGTTCTCTCT
GCTGTGCTCATGGAAATGGCTGTCTTCCCTCACTGGCACAGACTCCTGACCTGCAAGGCGAGAATG
CCCTGAGAAAGCATGGATGTCTCGGAGCTCTCCCTACTGGGACTGGACTCGGCCCTGTCTCACC
TACCTGATTTGGTAACTCAGCAGAACTACACCGATGCCATATCCACCGTGGAGAGCCGAAACCCCT
GGTACAGCGGCCATATTGATACAGTTGGTGTTGACACACAAGAAGCGTCCGTCAAGAACTGTATG
AAGCTCCCGGATTTGGTCATTATACTGGGGTCGTAAGCAAGTGCTTCTGGCTTTGGAGCAGGATG
ACCTTCTGTGATTTTGAAGTCCAGTTTGAGATAGCTCACAATTTCAATCCACGCTCTTGTGCGCGGAA
GCGAGCCATATTGGTATGGCGCTCACTCCGTTACACTACTTATGATCCAATTTTCACTCCATCATTT
CTAACACTGACAGACTCTGGGCTATATGGCAGGCTCTACAAAAGTACAGGGGCAAACTTACAAT
CCGCCAACTGTGCCATTGCTTCTATGAGAAAAACCCCTACAGCCCTTTGGTCTGACTGATGAGATCA
ACCCGGATGATGAGACAAGACAGCATGCTGTTCCCTTCAGTGTCTTTGATTACAAGAACAACCTTCA
ATTATGAATATGACACCTTGACTTCAACGGACTATCAATCTCCAGCTGGACCCGTGAACTGTAC
GGAGAAAGTCTCATGACAGAGTATTGGCCGGATTTTGTGCTGATGGTATTACGACGTCTGCACTAG
TTAAATCTTTGCTGCAAAATCAGATGATGACTGTGACCACCTATGCTGGTGAATTTACATCCTTG
GTGATGAAGCTGAAATGCCATGGGGCTATGATCGTCTTTACAAATATGAGATCACTGAGCAGCTCA
ATGCCCCGATCTACACATCGGAGATAGATCTTCATCAGATACGAAGCGTTTGTATCTTCATGGTA
CAAGTCTTGAAGCAACATCTTCCCCAAACCTTCTGTCTACATGACGAAGGGGCG

INTRON 2C/2D (SEQ ID NO:130)

GTGAGAACATTGATAATAGTTCAAATGAAGTATATCCGATTCAAGCTGTCGATACAAGATGAGATA
CATAATCACAATGTTTGTATTAGATATCTCTCTTAATTTAATGCCGCTTTTATCAATATTCGAGCA
ATCCTTCAGCAACATACACCAGCAATGTTTCATCAACAGACTATATTTAATATTTTAAAAAT
CCTTCTGTGTTGTTATAAATCTTAAAGTATCGAATTCCTTGAATGCGCTCTCTCTGAGCATATA
GTTAAGTTGTTGTTTCTCTGTCTAG

DOMĀNE 2D

GTCACCATCAGGCTGACGAGTACGACGAAGTTGTAAC TGCTGCAAGCCACATCAGAAAGAATTAA
AAGATCTGTCAAAGGAGAGTAGAGAGCCTAAGGCTCGCCTTCCGTCAACTTCAGAACGACGGAG
TCTATGAGAATATTGCCAAATCCACGGCAAGCCTGGGTTGTGTGATGATAACGGTCGCAAGGTTG
CCTGTTGTGTCCATGGAATGCCACCCTCCCCAGTGGGCACAGACTCTATGTCTCCAGGTGGAGA
ATGCTTTGCTGGAGAGGATCTGCCGTCTCTGTGCCATACTGGGACTGGACTGAAACATTTTACAG
AGCTGCCATCTTTGATTGCTGAGGCTACCTATTTCATTCGCCGTACACAAACGTTTGACCCTAATC
CTTCTTCAGAGGTAATAATCAGTTTGTAGAATGCTGTACAACACGTGATCCCCAGCCTGAGCTGT
ACGTTAACAGGTACTACTACCAAAACGTCATGTTGGCTTTTGAACAGGACAACACTACTGCCACTCG
AGATACAGTTTGAGATGGTTCACAATGTTCTCCATGCTTGGCTTGGTGGGAAGAGCTACTTATTCTA
TTTCTTCTCTTGATTATCTGCATTGCACTCGACCCTGTGTTTTTCTTCACCATGCGAACACAGATAGAT
TGTGGGCCATCTGGCAGGAGCTGCAGAGGTACAGGAAGAAGCCATACATGAAGCGGATTGTGCCA
TTAACTTAATGCGCAAACTCTACATCCCTTCGACAACAGTGATCTCAATCATGATCCTGTAACCT
TTAAATCACTCAAACCCCACTGATGGCTTTGACTACCAGAACAACCTTTGGATACAAGTATGACAACC
TTGAGTTCAATCATTTTCAGTATTTCCAGGCTTGAAGAAATCATTCGTATTAGACAAGCTCAAGATC
GTGTGTTTCAGGATTCCCTCTTCAACATTTGGGACATCCGCAACTGTTGAGATATTCGTCTGTG
TCCTACCACCGCGGTGAGCAAAACTGTGAAACAAAGCCGGAACATTTGGCGTACTCGGAGGAG
AAACAGAGATGGCGTTTCATTTTGACAGACTCTACAGGTTTGACATCAGTGAACACTGAGGGACC
TCGGCATACAGCTGGACAGCCATGACTTTGACCTCAGCATCAAGATTCAAGGAGTAATGGATCCT
ACCTTGATCCACACATCCTGCCAGAGCCATCCTTGATTTTTGTGCTGTTCAA

INTRON 2D/2E (SEQ ID NO:131)

GTAAGAAAGTTTCACTGTCTAAATCTTTTTTATGATAGAGGGTAGAGAAGTGGAGACAATGTGAC
AATATATTGAATAAAGTTGTTTAAAAATTTATAACTCTCATAAGTTCAATATTATGCTGAAGCTGTAG
CAATCTATAACTGTGTAACATGAAATGTTAAGACATTAACTTAATACCTTCACTGATACAAAC
AATGTTAATACATACGTCGAATGTAACATTTTCTATCTTTAGGTTATAGCATAAACACTTCAGAGA
TACAGTGACGAAAACCTCTATTTAAATATTTTCAG

DOMĀNE 2E

GTTCTTTCTCGCTGCTGATGGGCATTGACATGACATCCTTGTGAGAAAAGAGTGAACAGCCTGA
RACACAGGAGACTGCATCTCTGATCCATGCTCTGAAAAGTATGCAAGGAAGACCATTCACCTGATG
GTTTCCAAGCCATTGGCTCTTTCCATGCCCTGCCACCACCTCTGCCCTTCACTATCTGCAACTCACC
GTTATGCTTGCTGTGTCCACGGCATGGCTACATTTCCCCAGTGGCAGAGACTGTACACTGTACAGT
TCCAGGATGCACCTGAGGAGACATGGAGCTGCAGTAGGTGTACCGTATTGGGATTGGCTGCGACCGC
AGTCTCACTACCAGAGCTTGTCACTATGGAGACATACCATGATATTGGAGTAACAGAGATTTCC
CCAATCTTTCTACCAAGCCAATATTGAGTTTGAAGGAGAAAACATTACAAACAGAGAGGAAGTCA
TTGCAGACAACTTTTTGTCAAAGGTGGACACGTTTTTGATAACTGGTTCTTCAAACAAGCCATCC
TAGCGCTTGAGCAGGAAAACTACTGTGACTTTGAGATTGAGTTGAAATCTTCAACAGCGGCTTC
ACAGCTGGGTGCGGAGCAGTCGTACCCACTCTATCGGACATCTCCATTAGCATCTCTACGACCTC
TTTTCTACCTCCACCATTCCAGACAGACCGTATTTGGGCAATCTGGCAAGAAGTCCAGGAACAGA
GAGGGCTCTCAGGTGATGAGGCTCACGTGTCTCTCGAGCAAATGAGAGAACCTTGAAGCCTTTCA
GCTTTCGGCGCTCCTTATAACTTGAATCAGCTAACACAGGATTTCTCCGACCGGAGGACACCTTCG
ACTACAGGAAGTTTGGTTATGAATATGACAAATTAGAATTCCTAGGAATGTCAGTTGCTGAACTGG
ATCAATACATATTGACATCAAGAAAATGATAGAGTATTCGCTGGGTTCTGTTGAGTGGATTTCG
GAGGTTCCGCATCAGTTAATTTCCAGGTTTGTAGAGCTGATTCACATGTCAGGATGCTGGGTACT
TCACCGTTCTTGGTGGCAGTGCTGAGATGGCGTGGGCATTGACAGGCTATACAAATATGACATTA
CTGAAACTCTGGAGAAAATGCACCTTCGATATGATGACTTCACAACTCTCTGTGAGTCTGACCG
CCAACAACGGAAGTGTCTGAGCAGCAGTCTAATCCCAACACCGAGTGTACATATTCAGCGGGGAC
ATC

INTRON 2E/2F-1 (SEQ ID NO:132)

GTAAGTAGTAACTGCTCAGATTGTTTTCATATTA TACTCCACTATTAAGTAAAAAGTACTAGTAAT
CTAATAGTACTGTTCCACAGAGAAATGTAACACAATAGACCACAGAGTCCATTGTTAAACGCTTT
GGCTTGGTAAGTCTGAGATTTTGGTGACTGATGGAAGCTAAAATATATTTTGACAG

DOMÄNE 2F-1 (1. Teil Domäne f)

GTGACATAAATACCAAGAGCATGTCCAGCGAACCGTGTTGCGCGTGAGCTGAGCGATCTGTCTGCGGA
GGGACCCGCTAGTCTCAAGTCTGCTCTGCGAGACCTACAGGAGGATGATGGCCCCAACGGATACC
AGGCTCTTGACAGCCTTCCATGGGCTACCAGCAGGCTGCCATGATAGCCAGGGAAATGAG

INTRON 2F-1/2F-2 (SEQ ID NO:133)

GTATATTTAAGTATTTTATCTTACGCATGACCTGACCCTATTATTTTTTTTTTAACTCCTCGGATT
TGTTTAACTCCTGTTACCAGCGAAGGTCCGGGTAGAAATTGATCTTCAGTCAACTATTCTTGTCGTA
GGACTAACGAGTTGCTGGCTTGCTTACTCGGTTGACACGTTGCAACGGATCCCAATTGCAATTAG
ATCGATGCTCATGCTGTTGATCCCTGGATTGCTGTGCGGACTCCACATACCGCCGCCATATTGC
TGGTATTTGTGCGAATGCCAGCTTAAACAGCAAGCCCAACAACTACTGAGACCTGGTGGTACAT
GTCACTTCTCTGATTGCTGGGGTCCAAACATAGCCATCAGTTGAAATATTTTCATACATAGGAAGAT
ACCTCTGAATATGATGATGAAACATTACTTAGACTTGCTGTGAGCCCCAGGCAAAATGCACGTGT
AAAAATACACTGACAGAGGATTAGGCATTCTTTGGGAGTACTGTATAGTTAGTTGCATACATATTAG
CGTTCCTCTCACTAAACGAATCTCTGAATGCTATCAATTAAAGATCATGATGCTTTGATTGTGTCT
ACTGTATTTAAATGGTGTTAAGATTTGCAATTACAAATATACACAAACAGCTTTCCTGTCATCTCGG
AGAATTGCAATCTTTCGTTGTACGCGCTGCTTTTTCATATTTTATGTCATGTAGTTTGCACTACTTAG
GGTCCAAATAAATCCATTTCACAAATACACAAACAAACGATTTTAGGAATGTGACTGTAGCTGCAA
CGAATATACCTGATCCTTTCTTGTTCCAG

DOMÄNE 2F-2 (2. Teil Domäne f)

ATCGCATGTTGCATTACGGTATGCGGACCTTCCCCAGTGGCACAGACTGTACACCTGCAAGTTG
GAGATGGCTCTGAGGAGACATGGATCATCTGTGCGCATCCCTACTGGGACTGGACAAGCCTATC
TCCGAACCTCCCTCGCTCTTACCAGCCCTGAGTATTATGACCCATGGCATGATGCTGTGGTAAAC
AACCATTCTCCAAAGGTTTGTCAAATTTGCAAACTACACAGTAAGAGACCCACAGGAGATG
CTGTTCCAGCTTTGTGAACATGGAGAGTCAATCCTCTATGAGCAAACCTCTTCTGTGCTTAGAGCAA
ACCGACTACTGTGATTTTGGGTACAGTTTGAGGTCCTCCATAACGTGATCCACTACCTTGTGTGGC
GGACGTCAGACCTACGCATTGTCTTCTGCTGCTATGATGATCCTACGACCCATTCTCTTTATACAC
CATTCCTTTGTGGATAAGATGTGGGTAGTATGGCAAGCTCTTCAAAGAGGAGGAAACCTTCCATAC
AAGCGAGCTGACGTGCTGTCAACCTTAATGACTAAACCAATGAGGCCATTTGACTCCGATATGAAT
CAGAACCCATTACAAAGATGCACGCAGTTCCCAACACACTCTATGACTACGAGACACTGTACTAC
AGCTACGATAATCTCGAAATAGGTGGCAGGAATCTCGACCGCTTACGGCTGAAATGTACAGAAGC
AGAAGCCAGCATCGCGTTTGTGCTGGAATTTGCTTCTGCTGGAATCCGAACCTTCTGCTGATGTGAGG
TTTTGGATTGTAGAATGAAATGACTGCCACAGGGGTGGAATATTTTCATCTTAGGTGGAGCC
AAGGAAATGCCATGGTCACTTTGACAGAACTTCAAGTTTGATATCACCCATGTACTCGAGAAAGCT
GGCATTAGCCCCAGAGGACGTGTTTGATGCTGAGGAGCCATTTATATCAAGGTTGAGATCCATGCT
GTTAAACAAGACCATGATACCATCGTCTGTGATCCCAGCCCCAATATCATCTATTCTCCTGGGGAA
G

INTRON 2F-2/2G-1 (SEQ ID NO:134)

GTGAGAGAACCAGTAATAGTACTGTCTACAAAGAATGTGTTCAATTTAAAGACCTGACTGTAGGCC
GTGGGTGCTGTCTCTCCGCTCCTCCTCTGTTCTCCTCCGAAGGGGTACGTTCAAGTT
CATTTGCCAATATGCCAAGCAGACCTCCTGAGCAGCATATATATACGTAAGGGAAGCAAGTATG
GACCATCGCGCGCATGTAGAGATACAATGATCAGCTGTCTGCTGTTCCACTCCTGTCAGACAATG

AGATAAACATGAATACAGTATTACTCAGCAGCGTTCCAATTTTCAACCTCGTATTATTAAAAAA
AGGAATTTTAAATATATTTTCTCCTTGTGAAATATTTTAGTAACTGTTAATCGATATAGAGTGG
AGTAGTGACGCTTATTTCGGTTCATTCTCGAACAATAATAATAGTCCACTGAACCTCTCTTAA
ATTGTTTTCACACCTTCAACTGCCACAGACGTAATCCCTCACGTTATTTGAGCTGACACGCTGT
TGAATTGAGTGTGTTCCGAATTCTAATAAGCATGTATATATTAGCTCTCATGCAAGTAATATAT
GTTTAACTGATGACGCTCACTTGGTGACCACTGATTTAGTTCCTTTGTCAATAATTGCAAGTTTCTGTT
GTCACGGGGACGGTGGGGAAGCCAGGTTCTCTCTGTCACGCTGAATATCCCGTTCCGAATCCCCAC
ATGGGTACAAAGTGTGATGCCTATTTCTGCTGTCCTCCACCGTGATATTGCTGGAATAAGTGGCTT
AATACCATATACACTCACTCTATTGTCACACTACTGCCACCGGCTCACACCTCTGATGCTTCTGTT
CTATCCAG

DOMÄNE 2G-1 (1. Teil Domäne g)

GTCCGCTGCTGACAGTGACACTCAGCCAACTTGTCTGGCTCTGGGGTGAGGAAGGACGTCACGA
CCCTCACTGTCTGAGACCGTGAGAACCCTAAGACAGGCTCTCAAGGTGTCATCGATGATACCTGGTC
CCAATGGTTACCAAGCAATAGCATCCTTCCACGGAAGTCTCCAATGTGCGAGATGAACGGCCGCA
AGGTTGCCGTGTTGTGCTCAGC

INTRON 2G-1/2G-2 (SEQ ID NO:135)

GTAATTAATGGATGTGAAGTCAATGTCCGAGGGTATAATAAGGATTTAAATACTTCAGTCGTGTAA
TACTGTATGACATGTGTATTGGATGGTGTAGGTATTACAGGTTATAAGGCCAGTGTGTGTTGGGAC
GGTTACTTTCTGCTGACATAGTAATAAGCATTGTATTTAGCTAGCTTTTATCATATAACTTTAGTTTC
ATGGTTTGTGGCAATTGAATCGAAATTTCTTTTCATTTCAGGTTATCGCACTCGTGTGTAGAA
TAGTTACTATGCTGCATTGAGAATAACACATATAGTAATAAAGCATATCATACAGTAAGAATAACAC
TATAGTAATAAAGTATATCATACAGTAAGAATGTCTATTGTATGATAAAATAGGTTATCACACTCGTG
TGTTTTAGAAATGGTTACTATCCAGGAATAAACCACTATGTATTACATGTATATTGGGAGTGTAAG
TAGTAGCATGTATATTAATCAGTATATCGTGCTTCAAACACACAGGATATATGGGGTATACAGT
GGGCACTGTAAGTAGCAACACTGTATATTAATCAGTATATCGTACTCAAACACACAGGATTATG
GGGTATACAGTGGGCACTGTAAGTAGTAGCATTGTATATTAATCAGTATATCGTACTCAAACACA
CAGGATATAAATCAGTATATCGTGCTTCAAACACACAGGATATAATCAGTATATCGTGCTTCAA
AACACACAGGATATATGGGATATACAGTGCGGGTTGCATACAACCTCCACCCTTTACAG

DOMÄNE 2G-2 (2. Teil Domäne g)

GTATGGCCTCCTTCCCACTGGCACAGACTGTATGTGAAGCAGATGGAAGACGCCCTGGCTGACC
ACGGATCACATATCGGCATCCCTTACTGGGACTGGACAACCTGCCTTCACAGAGTTACCGCGCCTTG
TCACAGACTCCGAGAACAATCCCTTCCATGAG

INTRON 2G-2/2G-3 (SEQ ID NO:136)

GTCAGTTTAGTCTCCTGTCTGAGCTAACGATACCAATTTCTTATTTTCGAGAACCACGATGACGAG
AAACACAGCAATATAGATATAGATGCAGTATAGATCAAGTTAATGAATTCATTGCTATATGTTTGC
TTGTAATAAATTTAAGAAACGAGAGCATGCACAAATGAACAAACAATTATGTGTTTGATAG
GAATATGATATATGTATTTGGGGGCTGACGTGAGCAGGGTTGAAGGGACAGTTTACATTGTCAGTA
ACACTGGGAGTATCTTTGATCCACAATATATAGTTTCATTGTGTTGACGAGTTACAACCTAACATT
ATATCATACATTACGTCGTAACATGCTTCTTTGTCTCTTCTGCCAG

DOMÄNE G-3 (3. Teil Domäne g)

GGTCGATTGTATCATCTCGGTGTAACACGTCACGTTCCCCAGAGACATGCTGTTTAAACGACCCA
GAGCAAGGATCAGAGTCGTCTTCTATAGACAAGTCTCTGGCTTTGGAGCAGACTGACTACTGC
CAGTTCCGAGTCCAGTTTGAAGCTGACCACAAACGCAATTCCTCTGGACAGGTGGACATGACGCTT
TACGGAATGTGACCCCTCGAGTTTACAGCCTACGATCCTCTCTTCTGGGTTACCACTCCAACACC

GACAGAATCTGGGCTGCTCTGGCAAGCACTGCAGAAATACCGAGGACTCCCATACAACGAAGCACAC
TGTGAAATCCAGGTTCTGTAACAGCCCTTGAGGCCATTCAACGATGACATCAACCACAATCCAATC
ACCAAGACTAATGCCAGGCCTATCGATTCAATTGATTATGAGAGGTTTAACTATCAGTATGACACC
CTTAGCTTCCATGGTAAGAGCATCCCTGAACTGAATGACCTGCTCCAGGAAAGAAAAGAGAAGAG
AGAACATTTGCTGCCTTCTCTTCTCGTGAATCGGTTGCAGTCTGATGTCGCTTTTGACATCTGC
CGCCCCAATGGTGACTGTGCTTTGCGAGGAACCTTTGCTGTGCTGGGAGGGGAGCTAGAAATGCCT
TGGTCTTCCGACAGACTGTTCCGCTATGACATCACCAGAGTCATGAATCAGCTCCATCTCCAGTAT
GATTGAGATTTGAGTTTTCAGGGTGAAGCTTGTGCAACCAATGGCACTGAGCTTTTCATCAGACCTC
CTCAAGTCACCAACAATTGAACATGAACCTTGGAG

INTRON 2G-3/2H (SEQ ID NO:137)

GTATGTTATCTTATTATCAAATGTGTAATCAGATACTGGAGACGTTTTTCATATTAACTTGGTCAGC
ATTAGTTGATGATTTTGGTGCGATATTGACGCAAGGAGTTAAGCATTAACACGTTCAACACATCT
TTAATCTGATATGAGAAGGGAATAAATTGACCACTATTGATGATTGAAGTTAGATTAAACAGTGAA
AGATATACCAAGTTTGTATAATCGTATAAAACAGTAGCAGAATTGTATCGTGAAGAACTAAATGTGGG
AAGGCGAACGCCAAGCAGATTTTAGATTACGATCGTGTGCTAGAATAATTCACAATAACCCAGACG
TCGGAATGTGGTTGTCTATGCAATAGTTACGATTAAATTGCTAACATGCACGATTACCTATTTC
AG

DOMAINE 2H

CCCACAGAGGACCAGTTGAAGAAACAGAAGTCACTCACCAAAATAGCAGCGCAATGCACACTTCC
ATCGTAAGGAAGTTGATTCGCTGTCCCTGGATGAAGCAAACTTGAAGAATGCCCTTTTACAAGC
TACAGAACGACCACAGTCTAACAGGATACGAAGCAATCTCTGGTTACCATGGATACCCGAATCTGT
GTCCGGAAGAAGGCGATGACAATAACCCCTGCTGCGTCCACGGAATGGCCATCTTCCCCCACTGGC
ACAGACTCTTGACCATCCAACCTGGAAGAGCTCTCGAGACCAATGGTGCACTGCTTGGTGTCTCT
ACTGGGACTGGACCAAGGACCTGTGCTCACTGCGGCGTTCTTCTCCGACTCCAGCAACAACATC
CCTACTTCAAGTACCACATCGCAGGTGTTGGTCACGACACCGTCAGAGAGCCAACTAGTCTTATAT
ATAACAGCCCCAAATCCATGGTTATGATTATCTCTATTACCTAGCATTTGACCACGCTTGAAGAAA
ACAATTACTGTGACTTTGAGGTTCAGTATGAGATCCTCCACACGCCGTCCTACTCTGGCTTGAG
GATCCCAGAAGTATCCATGTCTACCTGGAGTATTGCGCCCTTTGACCCCTGTCTTTATGATCCTTC
ACTCGGCTCTAGACAGACTTTGGATCATCTGGCAAGAAGCTCAGAAGATCAGGAGAAAGCCCTACA
ACTTCGCTAAATGTGCTTATCATATGATGGAAGAGCCACTGGCGCCCTTCAGTATCCATCTATCA
ACCAGGACGAGTTACCCCGTGCCAACCTCCAAGCCTTCTACAGTTTTTGACAGCCATAAGTTCCGGCT
ACCATTACGATAACCTGAATGTTAGAGGTCACAGCATCCAAGAAGCTCAACCAATCATCAATGACT
TGAGAAACACAGACAGAATCTACGCAGGATTTGTTTGTGAGGCATCGGTACGTCTGCTAGTGCTCA
AGATCTATCTCCGAACAGATGACAATGACGAAGAAGTTGGAAGCTTTCAGTCTCTCTGGGAGGAGAGA
GGGAATGGCATGGGCTACGAGCGAGTTTCAAGTATGACATCAAGAGGTTGCGAGATGAGACTTA
AACTAAGTTATGGGGACACCTTTAACTTCCGACTAGAGATCACATCCTACGATGGATCGGTGGTAA
ACAAGAGCCTACCAATCCTTTCATCATCTACAGACCTGCCAATCATGACTACGATGTTCTTGTTA
TCCCATGTAGGAAGAAACCTTCACTCCCTCCCAAGTTGTGTCAGAGAGGGCACCCGATCGAGT
TCCACCCAGTCGATGATTCAGTTACGAGACCGAGTTGTTGATCTTGAAGGTACACTGCACCTCTTCA
ACTGTGTGGTACCACCGTTACATACCCGGGATTGCAACTGAACCACTCTATTCTGTCAAGCCTG
GTGACTACTATGTTACCGGACCAACGAGAGACCTTTCAGAGATGCAGATGTGACGATTTCATATCC
ATGTTGAGGATGAGTAA

3' UTR

CGCAACAG

INTRON 3'UTR (SEQ ID NO:138)

GTGAGATAAGAAACCCTTCTAACAGTAATACGACACCACATTACAGCTTAAACATGATTGCCATCG
ATGTTTTTCATGTGTAGTATACGCTTTTCAGTTCTACATAATTTGTTTTTCAAATCAAGTTTAGCA
AATGAATCTATCACTGGAAAATAGGGTAGGGTAGCCAAGTGGTTAAAGCGGTCACTGATCAGCCCA
AAGACGAGTGTCCTAACCTGCATGGGTACAAAAGTGAAGACCATTGCTGGTGTCTACCGCCGTAAT
ATTGTTTTTAGTATTGCTAAAAC TTATACTACCCATGCGCTGTAAAAGTGGAATAATAATCATAT
TTCAACAAAAGCACAAAACCATTTCAATTTTCATGAAAGCCTCTTGTTCACTGAAAGACGCAAGAG
AACAAATAGTTCCTAACATTATTTTCAGACATTGGAAATGTCCTGCACGTGTAAACCATATATCCTT
TGAAATTTTACGACTGCATCGTATACAATTTATGATATAAATTTAAAC TTTATTTTCAG

3'UTR

GTTTCTTGGTCTCCACATATTCACACATCAGCACCAACGGTTTCGAAGGACATTGGCGTTCTTCT
CTGGCAATGCATTTCAATACAACATTGAAAATGACTTCAGCATATCAGTGTGCTTCGAACGTGTTC
CGGAAGTACTCAAATGTGCTATGACTGAATTATTGTACATACATAACTTATTGATGTTCAATAAAT
AAATGTTGAAACG

Figur 7

Primärstruktur des HtH2-Proteins

DOMÄNE A (SEQ ID NO:156)

GLPYWDWTQHLTQLPDLVSDPLFVDPPEGKKAHDNAWYRGNIKFENKKTARAVDDRLFKEKVGPGENT
RLFEGILDALEQDEFNCFEIQFELAHNAIHLYVGGRHYSMSHLEYTSYDPLFFLHHSNTDRIFAI
WQRLQVLRGKDPNTADCAHNLIHEPMEPFRRDSNPLDLTRENSKPIDSDYAHGLQYQYDDLTLNGM
TPEELNSYLHERSGKEGVFASFRLSGFGGSANVVYACRPAHDEMAVDQCDKAGDFFVLGGPTMP
WRFYRAFHFDDVTDSDINIDKDRHGHHYVKAELFSVNGSALPNDDLQPQITSHRPARGHVDEAPAPS
SDAHLAVRKDINHLTREEVYELRRAMERFQADTSVDGYQATVEYHGLPARCPPEATNRFACCIHG
MATFFHW

DOMÄNE B

HRLFVTQVEDALIRRGSPIGVPYWDWTQPMALPLGLADNATYRDPISGDSRHNPFHDVEVAFENG
TERHPDSRLFEQPLFGKHTRLFDSIVYAFEQEDFCDFEVQFEMTHNNIHAWIGGGKYSMSSLHYT
AFDPISYLLHHSNTDRLWAIWQALQIRRNKPKYKAHCAWSEERQPLKPFASFSPLNNEKTYENSVP
NVYDIEGVLGYTYDDLNFGGMDLQLEEYIQRQRDRFTAGFFLSHIGTSANVEIIIDHGTLHTS
VGTFAVLGGKEMKWFDRILKYEITDELRQLNLRADDGFSISVKVTDVDSLSSELIPSAAIIF
ERSH

DOMÄNE C

IDHQDPHQDITIIRKNVDNLTPEEINSLRRAMADLQSDKTAGGQQIAAFHGEKPKWCPSPDAEKKFS
CCVHGMVAFPHWHRLTLTVQGENALRKHGCLGALPYWDWTRPLSHLPDLVSSQNYTDAISTVEARNP
WYSGHIDTVGVDTTSRVQELYEAPGFGHYTGVAQVLLALEQDDFCDFEVQFIEAHNFIALVGG
SEPYGMASLRYTTYDPIFYLLHHSNTDRLWAIWQALQKYRGKPYNSANCAIASMRKLPQPFGLTDEI
NPDDETRQHAVPFSVFDYKNNFNIEYDITLDFNGLSISQLDRELSRRKSHDRVFAGFLLHGIQQSAL
VKFFVCKSDDDCDHYAGEFYILGDEAEMPWGYDRILKYEITEQLNALDLHIGDRFFIRYEAFDLHG
TSLGSNIFPKPSVIHDEGA

DOMÄNE D

GHHQADEYDEVVTAASHIRKQNLKDLKSGEVESLRSFAFLQLQNDGVYENIAKFGHKPGLCDDNGRKV
ACCVHGMPTFPQWHRLYTVQFDALRRHGAAGVVPYWDWTETETELPSLIAETAYFNSRQQTDFPN
PFRGKI SFENAVTTRDPOPELYVNRYYYQNVMLAFEQDNYCDFEIQFEMVHNVLHAWLGGRATYS
ISSLDYSAFDPVFVFLHANTDRLWAIWQELQRYRKPKYNEADCAINLMRKLPHFPDSDNLNHDVPV
FKYSKPTDGFYQNNFGYKYDNLEFNHFSIPRLEEIRIRQRQDRVFAGFLLHNIGTSATVEIFVC
VPTTSGEQCENKAGTFAVLGGETEMAFHFDRLYRFDISETLRDLGIQLDSDHFDLSIKIQGVNGS
YLDPHILPEPSLIFVPGSS

DOMÄNE E

SFLRPDGHSDDLILVRKEVNSLTTRETASLIHALKSMQEDHSPDGFQAIASFHALPPLCPSPSATHR
YACCVHGMATFPQWHRLYTVQFDALRRHGAAGVVPYWDWLRPQSHLPELVTMETVYHDIWNSNRDP
NPFYQANIEFEGENITTEVEIADKLFVKGGHVFDNWFQKAILALEQENYCDFEIQFEILHNGVH
TWVGGSRHTSIGHLHYASYDPLFYLLHHSQTDRIWAIWQELQEQRLSGDEAHCALEQMREPLKPF
FGAPYNLNLQTDQFSRPEDTFDYRKFGYEYDNLEFLGMSVAELDQYIEHQNDRVFAGFLLSGFG
GSASVNFQVCRASTQCDAGYFTVLGGSAAEMAWAFDRLYKYDITETLEKMHRLYDDFTISVSLTA
NNGTVLSSSLIPTPSVIFQRGH

DOMAINE F

RDINTKMSANRVRRELSDLSDARPSSLKSA LRDLQEDDGPNGYQALAAFHGLPAGCHDSQGNEIA
CCIHGMPTFPQWHRLYTLQLEMALRRHGSSVAIPYDWT KPISELPSLFTSPEYYDPWHDVAVNNP
FSKGFVKFANTYITVRDPQEMLFQLCEHGESI LYEQTL LLALEQTDYCD FEVQFEVLHNV IHYLVGGR
QTYALSSLHYASYDPFFFIHHSFVDMWVWQALQKRRLPYKRADCAVNLMTKPMRPFDSMDNQ
PFTKMHAVPNTLYD ETLYSYDNLEIGGRNL DQLQAEIDRSRSHDRVFAGFLLRGIGTSADVRFW
ICRNENDCHRGII FILGGAKEMPWSFDRNFKFDITHVLEKAGISPEDVFDAEEFFYIKVEIHAVN
KTMIPSSVIPARTI IYSPGE

DOMAINE G

GRAADSAHSANIAGSGVRKDVTTTLTVSETENLRQALQGVIDD TGPNGYQAIAS FHGSPPMCENGR
KVACCAHGMA SFPHWHRLYVKQMEDALADHGSHIGIPYDWT TAFTEL PALVTDSENNPFHEGRID
HLGVTTSRSPRMDLFNDPEQGESFFYRQVLLALEQTDY CQFEVQFELTHNAIHSWTGGRSPYGMS
TLEFTAYDPLFWLHHSNTDRIWAVWQALQKYRGLPYNEAHCEIQV LKQPLRPFNDNDINHNPITKTN
ARPIDSFDYERFNYQYDTLSFHGKSIPELNDLLEERKREERTFAAFLLRGIGCSADVDFIDICRPN
DCVFAGTFAVLGGELEMPWSFDRLFRYDITRVMNQLHLQYDSDFSFRVKLVATNGTELSDDLKSP
TIEHEL

DOMAINE H

GAHRGPVEETEVT HQNTDGN AHFHRKEVDSL SLD EANNLKNALYKLQNDHSLTGYE AISGYHGYPN
LCPEEGDDKYPCCVHGM AIFPHWHRLTIQLERALEHNGAL LGVPYDWT KDLSLPAFFSDSSNN
NPYFKYHIAGVGHD TVREPTSLIYNQPIHG YDYLYLALT TLEENNYC DFEVQYEILHNAVHSL
GGSQKYSMTLEYSAFDPVFMILHSGLDRLWIIWQELQKIRRKPYNFAKAYHMEELAPFSYPS
INQDEFTRANSKPSTVFD SHKFGYHYDNLNVRGHS IQELNTIINDLRNTDRIYAGFVLSGIGTSAS
VKIYLR TDDNDEE VGTFTVLGGEREMPWAYERVFKYDITEVADR LKLSYGDTFNFRLEITSYDGSV
VNKSLPNPFI IYR PANHDYDVLVIPVGRNLHIPPKVVVKRGTRIEFHPVDDSVTRPVVDLGSY TAL
FNCVVPFPFTYRGFELNHVYSVKPGDYVTGPTRDL CQNADVRIHIHVEDE

Figur 8

Genomische Sequenz des KLH1-Gens

DOMĂNE 1B

GGCCCTACCGTACTGGGACTGGACTGAACCCATGACACACATTCCGGGTCTGGCAGGAACAAAACCT
TATGTGGATTCTCATGGTGCATCCCAACCAAACTCTTTTCATAGTTCAGTGATTGCTATTGGAAGAA
AATGCTCCCCACCAACAAAAGTACCAATAGATCAAGAGCTCTTTAAACCCGCTAGCTTTTGGACACAC
ACAGACCTGTTCAACCAGATTTTGTATGCCTTTGAACAAGAAGATTACTGTGACTTTGAAGTCCAA
TTTGAGATTACCCATAACACGATTACCGCTGGACAGGAGGAAGCAACATCTCTCAATGTCTGCC
CTACATTACAGACGTTTCGATCCTTTGTTTACTTTCCACATTCTAACGTTGATCTGTTTGGGCC
GTTTGGCAAGCCTTACAGATGAGACGGCATAAACCTTACAGGGCCCACTGCGCCATATCTCTGGAA
CATATGCATCTGAACCAATTGCGCTTTTTCATCTCCCTTAAACATAACAGAAAGACGTCTGCCAAT
GCATCGCCAACAAAGATTACGACTATGAAATGTCTTCCATTACACATACAGAAAGATTTAACATT
GGAGGCATCTCTCTGGAACACATAGAAAAGATGATCCACGAARACAGCAAGAAGACAGAATATAT
CGCGGTTTCTCTCTCGGCTGGCATAGCTATCAGCAAAATTTGGATATCTCTTAAATAACACCGAT
TCGGTGCAACATAAGGCTGGAACATTTGCAGTGTCTCGGTGGAAAGCAAGAAATGAAGTGGGGATT
GATCGCGTTTCAAGTTTGACATCACGCACGTTTGAAGATCTCGATCTCACGTGCTGATGGCGAT
TTGCAAGTTACTGTTGACATCACTGAAGTCAATGGAACTAACATTGCATCCAGTCTTATCCACAT
GCTTCTGTCTATTGTCGATCGATCGACTGGTAAGTGAATAGAG

INTRON 1B/1C (SEQ ID NO:139)

GTTTGTGAATAATTATGTGAGAAATCTTTACCTCAGAAATAAGATGAGGTCACATGGGTTTTCGAAAA
CTATTACGTTTCGAATATATATAATTAATACCGGACCCCTCCACTGGTACATATTTATCTTTATAACG
ATAATACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATAAATGATGATCCGGTATATG
CAGCTAATCCAGCCGACTTAGATGACACCTTAAGGGTGAGAAAGTATAACAATTAGATTGCGTTT
GCATCTGTGTATCGGTGTGCTTTAACCAAAAGTCAAAATAAAGTGCAAACCCTTAGTTTATTTCAT
TTGATAGAGCCTTTACAGATAAGAACAATGTAATAATTAAGAACAATCAAGTAAACCTCCGAAAGAA
GGCCTGTTTGTCAAGAGAGGTATGCACATGATTGACTATAAACCTGTGCTTCTATATTTTGGAAC
TGCCCACTTTCTGTGTGTGATGTAATACATCGCACTTAGGTGCGAAGAGGTGTACAGATAC
ACTATATACTTACCTAATGACCAACCACAAGGCTGGCTTTGTTAATATTGTATTTCACAGAAATA
AACACAGAAATCCAGCATTTGGCTGGTGATTTAGCAAAACCCGATATGACACTCATGTTTATT
ACATTTTTTTTCAG

DOMĂNE 1C

TTAAATTTGACAAAGTGCCAAAGGAGTCGTCTTATTCCGAAAAATGTAGACCGTTTGAGCCCCGAGG
AGATGAATGATACCTCGTAAAGCCCTAACGCTTACTGAAAGAGGACAAAAGTCGCCGTGGATTTCAGC
AGCTTGTTGCATCTTACCTGGGGAGCCAAATGTTCTCTAGTCGCGAAGCATCTAAAAATTTGCCG
CCTGTGTTTACGGCATGTCGTGTTCCCTCACTGGCATCGACTGTTTGACGGTTTCAGAGTGAATTC
CTTTGAGACGACATGGCTACGATGGAGCTTTGCCCTACTGGGTTGGACCTCTCCTCTTAACTCAC
TTCCGAACTGGCAGATCATAGAAGTACCTCGACCTTGAAGTGGGGTAGAAGACATAACCTT
GGTTCGATGGTTCATAGATACAGCTCGACAAAACAACAAGAAAGTTTCAGAAATAACTCTTCG
AACACGCTGAGTTTGGTCATTACAGACGAACTGCCAAACAGTACTGCTAGCTTGGAAACGAGCA
ATTTCTGTGACTTTGAAATCCAATATGAGATTGCCCAACTACATCCATGCACCTGTAGGAGGCG
CTCAGCCTTATGGTATGGCATCGCTTCGTCATCACTGCTTTGATCACTATCTTACTTCGTACATC
CTAATACAGACTGTATATGGGCAATATGGCAGGCTTTACAGAGTACAGAGGAAACCGTACAACG
TTGCTAACTGTGCTGTTACATCGATGAGAGAACCTTTGCAACCACTTTGGCCTCTCTGCCAATATCA
ACACAGCAGCATTAACCAAGGAGCATTCAGTGCCATCAACGTTTTGATTAACAGCAACTTAA
ATTATGAATATGACACTTTTGGAAATTAACGGCTCTCTCAATCTCTCAGTTGAATAAAAGAGCTGAA

CGATAAAGAGCCAAGACAGGTTCTTTGCAGGCTTCTCTGTTATCTGGTTTCAAGAAATCATCTCTTG
TTAAATTC AATATTTGCACCGTAGCAGCAACTGTCAACCCGCTGGAGAGTTTACCTTCTGGGTG
ATGAAACCGAGATGCCATGGGCATACGATAGAGTCTTCAAATATGACATAACCGAAAAATCCACG
ATCTAAAGCTGCATGCAGGAAGACCACCTTCTACATTGACTATGAAGTATTTGACCTTAAACAGCAA
GCTCGGGAAGAAGATTGTGTC AAGCAGCCTTCAGTCATTATGAACCAAGAAATG

INTRON 1C/1D (SEQ ID NO:140)

GTACTTGTATATGTTTTCGAATATTGCCGATACCTTCAATATATATACTTTATCAAAGTAATTGAT
TAATCTGAAGTAATTTTCTTTCCAGTAGAGATTTCAGTTGATACAAAGAATTTCGCCCTGTTGTA
TGTCACCTTTATTTTCATCAAACGATTTCGAAGTGAGCTGTCCATGCCACAATGGGGTCTCTGTAAC
TTCTCGTATGGGGTATAGATTATATAGACGTGGCAGACCTTACGTATAACTAATATTTTGTAATG
TCGTTTCAG

DOMAINE 1D

GTCACCATTGAAGGCGAAGTATATCAAGCTGAAGTAACCTTCTGCCAACCGTATTCGAAAAAACATTG
AAAACTCTGAGCCTTGGTGAACCTCGAAAGCTGAGAGCTGCCTTCTGGAAATTGAAAACGATGGAA
CTTACGAATCAATAGCTAAATCCATGGTAGCCCTGGTTGTGCCAGTTAAATGGTAACCCCATCT
CTTGTTGTGTCCATGGCATGCCAACCTTCCCTCAC TGGCACAGACTGTACGTGGTTGTCGTTGAGA
ATGCCCTCTGAAAAAGAGATCATCTGTAGCTGTTCCCTATTGGGACTGGACAAAAACGAATCGAAC
ATTTACCTCACCTGATTTTCAGACGCCACTTACTACAATTCCAGGCAACATCACTATGAGACAAAC
CATTCATCATGGCAAAAATCACACACGAGAATGAAATCACTACTAGGGATCCCAAGGACAGCCTCT
TCCATTGAGACTACTTTTACGAGCAGGTCTTTACGCCTTGGAGCAGGATAACTTCTGTGATTTCG
AGATTTCAGTTGGAGATATTACACAAATGCATTGCATTCTTTACTTGGTGGCAAAAGGTAATATTTCCA
TGTCAAACCTTGATTACGCTGCTTTTGATCCTGTGTTCTTCCCTCATCAGCAACGACTGACAGAA
TCTGGGCAATCTGGCAAGACCTTCAGAGGTTCCGAAAACGGCCATACCGAGAAGCGAATTGCGCTA
TCCAATTGATGCACAGCCACTCTCAGCCGTTTGATAAGAGCGCAACAATGACGAGGCAACGAAAA
CGCATGCCACTCCACATGATGGTTTGAATATCAAAACAGCTTGGTTATGCTTACGATAAATCGG
AACTGAATCACTACTCGATTCTCAGCTTGATCACATGCTGCAAGAAAGAAAAGGCATGACAGAG
TATTGCTGGCTTCTCTCTTCACAATATTGGAACATCTGCCGATGGCCATGTATTGTATGTCTCC
CAACTGGGGAACACACGAAGGACTGCAGTCATGAGGCTGGTATGTTCTCCATCTTAGGCGGTCAA
CGGAGATGCTCCTTTGTATTATTGACAGCTTTACAAACTTGACATAAATAAGCCTTGAAAAAGAACG
GTGTGCACCTGCAAGGGGATTTCGATCTGGAATTTGAGATTGAGTTCGATGGAATGGATCTCATCTAG
ACAGTCATGTCATCCACTCTCCACTATACTGTTTGAGGCCGGAACAG

INTRON 1D/1E (SEQ ID NO:141)

GTAACATATTTGTCACTGTAACCAACAACTGCAGTCTATTTGCAATTACGATAATAACAATTTT
GAAATATATCTTTATTAAGCAAGGTTTCTAGAGACAAACAGCCGGCTCTAATTATTTTTTCGAA
TCTACGCTTGAGTAAAGATCTGCAAAATGGCAACCTTACCTATACTATTAATAATATAATGTTACAT
TCGTATCTGAATGTTTAATAAAATCACTTCATATTCTGTTGCGAG

DOMAINE 1E

ATTCTGCCACACAGATGATGGACACTGAACCACTGATGATTTCGCAAAGATATCACACAATTGG
ACAAGCTCTCAACAACTGATGGTGGTGAAGCCCTCGACTCCATGAAAGCGACCAATTCATCTGATG
GGTTCCAGGCAATTCGCTTCTCTCCATGCTCTTCTCTCTTTGTCATACCCAGCTGCTTCAAAGA
GGTTTGCCTGCTGCGTCCATGGCATGGCAACGTTCCACACAATGGCACCCTGTACACAGTCCAAT
TCCAAAGATTCTCTCAGAAACACATGGTGAGTCTGGTGGACTTCCGATCTGGGACTTGGACCTTCC
GTTCTGAATTACAGAGCTCCTGACCGTCTCAACTATTTCATGACCCGGAGACAGGCAAGATATAC
CAATCCATTATTATGGTTCTAAATAGAGTTTGAAGGAGAAAAACGTACATACTAAAGAGATATCA
ATAGGATCGTCTCTTCCAGGGATCAACAAAAACACATCATAACTGGTTTATTGAGCAAGCATGCG
TTGCTCTTGAACAAACCACTACTGCGACTTCGAGGTTTCAGTTTGAATATTGACATAATGGTGTTC

ATACCTGGGTGGAGGCAAGGAGCCCTATGGAATTGGCCATCTGCATTATGCTTCTCTATGATCCAC
TTTTCTACATCCATCACTCCCAAACCTGATCGTATTTGGGCTATATGGCAATCGTTGCAGCGTTTCA
GAGGACCTTTCTGATCTGAGGGCTAACTGTGCTGTAATCTCATGAAAACCTCCTCTGAAGCCCTTCA
GCTTTGGAGCACCATATAATCTTAATGATCACACGCATGATTTCTCAAAGCCTGAAGATACATTG
ACTACCAAAAGTTTGGATACATATATGACACTCTGGAATTTGCAGGGTGGTCAATTCGTGGCATTG
ACCATATTGTCGGTAACAGGCAGGAACATTCAAGGGTCTTTGCCGGATTCTTGCTTGAAGGATTTG
GCACCTCTGCCACTGTGCAATTTCCAGGTCTGTGCGACAGCGGGAGACTGTGAAGATGCAGGGTACT
TCACCGTGTGGGAGGTGA AAAAGAAATGCCTTGGGCCCTTGATCGGCTTTACAAGTACGACATAA
CAGAAACCTTAGACAAGATGAACCTTCGACATGACGAAATCTTCCAGATTGAAGTAACCATTACAT
CCTACGATGGAACGTGACTCGATAGTGGCCTTATCCCAACCGTCAATCATCTATGATCCTGCTC
ATC

INTRON 1E/1F (SEQ ID NO:142)

GTAAGTATACACATTATTTCTCTTCTGCTATATCAGATGAAGAGAACGTTGTATCACTAACCTA
GTCTTGTTTGATTGTGGTTTCGTTTGCTTCCTGAACAGTAGGGTTGATTTAACTTCTCTGTTTCG
TCTGTACCAATGAAAGCATATGATGCTTGTGTGAAGATGCTTTGTTCAATGATCAGTCTGTTCTTG
TAATGCTTGTATCTTTGCCATCAACATTCTTGAAATTAATTATGGTTTCCCTTAAATCATTTACATA
TTACATTTAAACGTGCTGCTTGTCTGATTGCATATCTTCTAAAAATAACTATATATTCCAG

DOMÄNE 1F-1 (1. Teil Domäne f)

ATGATATTAGTTTCGCACCACCTGTGCTCAACAAGGTTTCGTATGATCTGAGTACACTGAGTGAGC
GAGATATTGGAAGCCTTAAATATGCTTTGAGCAGCTTGCAAGCAGATACCTCAGCAGATGGTTTGG
CTGCCATTGCATCCTCCATGGTCTGCTGCCAAATGTAATGACAGCCACAATAACGAG

INTRON 1F-1/1F-2 (SEQ ID NO:143)

GTAATATACAGTGAATCCGGATAAGTAAATCCAGATAAGAAAAAAACATTTTCTGTGGTCCC
GGCATGTTTCTTCTTCATCTATCATTATTTTGATACGGATAAGTAAAAATCGGCTGAGTAAAAACAT
CCGGTAAGTAAAAATGATTTTCGAGGTCTCTTCATCGGATAAGTAAGATACACAAGTGATCATTC
AATAAACACTAACTGATGCAACACAATACCAGCGCACAGTGTTTCACTACGTTTGTGTTGATTGT
AATTAAACAATTAAACATTAAAGTGTTTCCCAATGTGTCGTTGTCGAACTGATTGGGACAAAGCTTG
CAACAAGCCCGGCAATTCATGTGCTGTTATGTCTACGTTTGTATTTC TGACTGCTTGGAGGGGTG
GGAAAAAATAAAAAACGGGTAAATATTATAAAAAATTCACGGTGCCTTGAAATTTTAGGTGTCCG
GATTTCACTGTAGATGATTAATTTTCTCACTTGTAAACAAAAGACCCAGTACCCCTATTCTGTGAC
GTACGTTATAAAATGTAAATTATAAAAAGCCATTATCATGTTATACGTGATCTTGNCTTGCAATTA
TNTACCGCTTCTTGTATTTTATAAGCAATTTCTCCCTCATGAACCTTATTAACATAGCAGCTCCT
GCAAAAGAAAACAGTCACTGCATGGATCCATATTGAATGTGCTGCTTATTCTCATTTTATTACT
CACAGATATTTCAAGAATCATGTAATCTCTAACCAGGCTAAAGCAAAGAGGGTTACATTTTAGCCG
ACAAGTTCAGTACGTGAGTGAACACGATATATTAATGGAGATGACTCTGGTCATGATGATTAGG
ACAATATCATGACGCTTATCATTTGATCATGACCATGTCAGTATAATAGATAGCTAACARATAATGT
AATTACTAATTATGAAGCAATGGTGCATTGACG

DOMÄNE 1F-2 (2. Teil Domäne f)

GTGGCATGCTGATCCATGGAATGCCTACATTTCCCCACTGGCACAGACTCTACACCCTCCAATTT
GAGCAAGCTCTAAGAAGACATGGCTCTAGTGTAGCAGTACCCCTACTGGGACTGGACAAAGCCAATA
CATAAATATCCACATCTGTTTCACAGACAAAGAATACTACGATGCTCTGGAGAAATAAAGTAATGCCA
AATCCATTTGCCCGAGGGTATGTCCCTCACAGATACATACAGGTAAGAGACGCTCAAGAGAGGC
CTGTTCCACCTGACATCAACGGGTGAACACTCAGCGCTTCTGAATCAAGCTCTTTGGCGCTGGAA
CAGCAGACTACTGCGATTTTGCAGTCCAGTTTGAAGTCATGCACAACAATCCATTACCTAGTG
GGAGGACCTCAAGTCTATTCTTTGTCTATCCCTTCATATGCTTCAATGATCGATGCTTCTCATATA
CACCACCTCCTTTGTAGACAAGGTTTGGGCTGTCTGGCAGGCTCTTCAAGAAAAGAGAGGCTTCCA

TCAGACCGTGCTGACTGCGCTGTTAGTCTGATGACTCAGAACATGAGGCCCTTCCATTACGAAATT
AACCATAAACCAAGTTACCAAGAAACATGCAGTTCCAAATGATGTTTTCAAGTACGAACTCCTGGGT
TACAGATACGCAAACTCGGAAATCGGTGGCATGAATTTGCATGAAATTGAAAGGAAATCAAAGAC
AAACGACCACTGTGAGAGTGTTCGAGGGTTCTCCTTCACGGAATTAGAACCCTCAGCTGATGTC
CAATTCAGATTTGTAAACATCAGAAGATTGTCACCATTGAGGGCCAAATCTTCGTTCTTGGGGGG
ACTAAAGAGATGGCTGGGCTTATAACCGTTTATTCAAGTACGATATTACCATGCTCTTCATGAC
GCACACATCACTCCAGAAGACGTATCCATCCCTCTGAACCATTTCTTCATCAAGGTTCTGATGACA
GCCGTCAACGGAACAGTTCTTCCGGCTTCAATCCTGCATGCACCAACCATTATCTATGAACCTGGT
CTCGGTG

INTRON 1F-2/1G-1 (SEQ ID NO:144)

GTCTCGGTGAGTTATTAAGAAACAAAATATTTACCATTACCATTGTTAACTACAAAAATGAGTG
AGATATCTTATATCACTGGTACACTACTGATATTTTATGCAATGAAATTTACTATTTTCCAGGTAC
GCCTTCAACCCCTCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCTGCTTTTCTGT
AAAACATAAAACACCAATTAACAATGTTCTTAGTGTGTTGTTGACTCCCTCCACTGCAACGCCCT
ACATAATCAAAGTGTTCGTTTTTTTCCAAACTTTCAGTTAGTGTGAAGACTAAAAAGTTAAATA
AGCATTCACATAACTTCTAAGAGCAACTGGGACCATGCAGTTACGTATTGATATTTCTGTGAGAGT
GAAGCAAAACACTGTTTTTCAAGCTTAGGTTTATCAATCAAATGTCGAATAGTTCATGTTATCGA
AAAGCGAGCAAGGATAAGAGGCTCCGAGACATCTTGTCATTCTCGTGTCATATGATATCAACT
GAGGAGCTTCCATTACATTTTTGACCTTATCATTTAAAGACATACATGGAACATTTTCATTTTACA
GTTAAAGTGAAACCACTTCAGGTTCAACTTCAACTTCGAATTCAACTTCTGTTGTGTGTTTTATGAG
CCGACTGAAATGAGTGCCTTACTTTCACCTCTAGTTCTGTTCTGCTCATCGTTGTTGTTCTTT
CAGTGTGCATAGTACACGGCTAGTATAGAACACACGAACCTTGTCCTTACTTAATAGATTCTGAAC
TATTATGTGGAAGTTGGCAGGCTATAGTAACATCCTGGCAAATTTATCATGTATCCTCTGTTTG
TCATAATTAG

DOMÄNE 1G-1 (1. Teil Domäne g)

ACCATCACGAAGATCATATTCTTCTTCTATGGCTGGACATGGTGTGAGAAAGGAAATCAACACAC
TTACCACTGCAGAGGTGGACAATCTCAAAGATGCCATGAGAGCCGTCATGGCAGACCACGGTCCAA
ATGGATACCAGGCTATAGCAGCGTTCCATGGAACCCACCAATGTGCCCTATGCCAGATGGAAGA
ATTACTCGGTGTGTACACATG

INTRON G1-1/1G-2 (SEQ ID NO:145)

GTATGTATTTCCCACTGGTGGTGCCTGACTGCCAACACATACTTGTAAATTTATTCATGAAAGTATA
ATAGTTTGTGTTGAAAGTATATTTATAACCATCTTGACACAGCGTCACGAATTTTACCACAAAAGCT
TCAAAAAGCCCAAAACATTTAATAGCGATATATTTGTTAAAGACCAAAATACGATGCTTACAA
ATAGATTATTTTAAGACCAAGTCAGTGCATGCAAAATCGATTGGAACCTTTGAAATAAAATATTC
TATGTACTAACTGCCAATCTCATATACTTGCTTGGATGTGCTTCTTTTCACATTCGCGTCGAG
CTTCAACTCCAATGCATAAGCTTAAAAATAATCATAAACAAATAAGCCACAGAGGCGACGA
TCCCTCCAGGCCAGGCTTTATTTGTCCTTATAGAATATATCGCTATTAGAATGTTTTGACGTTT
TGAAGCTTTGTGGGTGAAATTCGTGATGTTTATGCGTGGTATTATGTAAGATGAAAATAAATAT
ATCTTTTCAAACAAAGATTTAGTATTTTGAAGACTTCTATGAATAAATACACTTATGTGTAGGT
TATTGGTCACTACAGCGCTTGTGGTATTTCCCTTCTTCAATTTGTTTGTCTTTGTTCAATTTGCA
ATAGTTATCTCTACTGTGGATGCTATATGAGAATCGTTGAAAGATAATACAACTTCTAATGGATT
GCAACTTCTTAACTTTTATTGCAACTGCCACGTTTCGGTATACGTTCTTATGCCGTATCAAGC
ATACGAGTGATCATGTATGCCAAAACGCTGCAATAAAAAATTAAGAAAGTTGCAATCCATAAGAAAT
TTCAATGTCTTTTATCATCAACATCAACTTCTAAAAATGGCTATAAAACAAATCAACAAACGTACAA
TAGTACATTACCGGATCTCGCAGCATGACCACGTCGATATCTAAACAAATACACTATCCATTTGAA
GGATCAAGATAGGTAGACACATGTTCAAGTTATAAATCTCTTCAAAAAAGTAGGGGAACCTTGGAA
TTTCAAGGTCAATAACAAACATATGATAATAACAAATTTGGTCCCAAAATATAACAAATTTGGTCCAAA
CTAATTGTATCTTTACAAAGAAGAAATTGAGTGAACAATTCACCCGGTATTTTATACCTAAACCG

TTTCTCTTGCTGTTATGGTGC GTGAAAGAAGAAATGGGTAAGAAACGGAAATTGACATTTTTCGCT
CAGTGGTGCGTAATGCCCCCATTTGTTGGCCAAACACTGATTGATTCGCTGAGGCATCGTGCATACG
CGTCTACCTATGGTAATTTGATGCAGCTCTGTCCCATCTCTCCACCACGCCTGGACAAGTTCATCT
AGCGTGGCTGGTGGCCTTTCACGTTGACGCACACGTCGGCCCAAGATGTC CCAGACATTTTCAATG
GCCAGGGCTCATTTGCTGGTCAGGGCATCCTTATGGATATTGTGCCGTTGAAGSGTGGTTATGTTGTTT
ACATTGAAATTTCCAAGTTCTCCTACTCTTTTTAAGAGGAGGTTACAAAAGTACGTTCTTTTCATGTT
GGTGAAGAGAATATCAAGGCTCTTAAGGGATTGTGCTTATAATATTTGATTTTAAAGAAGTTTGA
TATTATCTGCATCCTTCCCAAGAAATGCAAAATGTTACACACATATTGCGTTTGATAATGTTTTTG
GGGAAATAAATGTCCAGGACTGCTAAATAGTAATTATTGCTACTTTTAG

DOMÄNE 1G-2 (2. Teil Domäne g)

GCATGGCTACTTTCCCCCACTGGCAGACTGTACACAAAACAGATGGAAGATGCCTTGACCGCCC
ATGGTGCCAGAGTCGGCCCTTCTTACTGGGACGGGCAACTGCCTTTACAGCTTTGCCAACTTTTG
TCACAGATGAAGAGGACAACTCCTTTCCATCAT

INTRON 1G-2/1G-3 (SEQ ID NO:146)

GTGAGTTCACGTAAGCCTACGAGATCAACATTACTCCTTAACAGCCACGGCATCATGTACCGATAT
ATCACAAACAAAAGTATTCAAAGCTTTAAACACGATATGTATGGTTCAAGAATGACATCATTA AAC
AAGGACATGAGTCTGAAATAAACATGACTTGACACCGTTGTGGTCACAGTTTTGTCTCATTTGGT
GAACCTGTGAAACAACCTTTCAAACCAAAGATGCCTATTAATATTGTTAATTCCCATGAATTAGG
AGATACACACATTTCTACTGTCAATTT.....AATAACCGCTTC
CAGCATGAAACACAATATGATTATCTCAATTCTACCATTAATAATTTTACTGACGGCATT
TTTGACGACGCGTAAACATCGCTGCTTTACAGACTGCACGTGCGGTAACGTGACGTTTTTCATGAC
GTCACTACATTTCTATTCAAACATTTCCACAGAAGAGCGAGACCACGGCCGTGATGGGTTCTGGGC
AGATGATTACCCAGTATATATTTATAATAACTTGACTGCTTGCCCTGAATAATGTTGACACATGAC
AACGAATTTGTGATAGCGTAAGAAGCGTGAATACTGTGAATAGTGTGAGGGGTGTTGTGCTGAGAGT
TAACCAACCGTTAATTGCAAAATTTCCGAATACTTGCAATTGTCAGTCAAGAAGAATTGCATTCCTTA
CTCCTGTGAATGGACTCATTTGTTATTTAGCAGCGGTTATTGAGGTTTTGTATCACCTCAAATAGAC
AATCAGGATGCGGCAAAACCGGAAAATTATAGCAGAATCTGTAATTCAGATGGGCTTGCCGTGTGAA
AATATGCTGCGAGTTCAAGTAACACTTTTCCCTTTTCGATCATGGCCTGTTTGCTCTGAATCTGGTC
TTTCAGAGGATCCCTGCTTTTTTAAACTAAAGTCCTCCCACTCACTTATATTTATGTTTTTTTAA
TTATTTATAGTTTTTAATATGAACAACAATCATATTTATTACACATTATATTTTTCAG

DOMÄNE 1G-3 (3. Teil Domäne g)

GGTCACATAGACTATTTGGGAGTGGATACAACCTCGGTGCGCCCGAGACAAGTTGTTCAATGATCCA
GAGCGAGGATCAGAATCGTTCTTCTACAGGCAGGTTCTCTTGGCTTTGGAGCAGACAGAT

Figur 9

Primärstruktur des KLH1-Proteins

DOMÄNE B

GLPYWDWTEPMTHIPLGLAGNKTYVDSHGASHTNPFHSSVIAFEENAPHTKRQIDQRLFKPATFGHH
TDLFNQILYAFEQEDYCDFEVQFEITHNTIHAWTGGESEHFSMSSLHYTAFDPLFYFHHSNVDRDLWA
VWQALQMRHRHKEPYRAHCAISLEHMLKPAFSSPLNNNEKTHANAMPNKIYDYENVLHYTYEDLTF
GGISLENIEKMIHENQQEDRIYAGFLLAGIRTSANVDIFIKTSDSVQHKAGTFAVLGGSKEMKMGF
DRVFKFDITHVLKDLDLTADGDFEVTVDITEVDGTKLASSLI PHASVIREHARGKLNK

DOMÄNE C

VKFDKVPKSRIRKKNVDRLSPEEMNELRKALALLKEDKSAGGFQQLGAFHGEPKWCPSPEASKKFA
CCVHGMSVFPFHHRLLTQVSENALRRHGYDGLPYWDNTSPLNHLPELADHEKYVDPEDGVEKHNK
WFDGHIDTVDKTTTRSVQNKLEQPEFGHYTSIAKQVLLALEQDNFCDFEIQYEIAHNYIHALVGG
AQPYGMASLRYTAFDPLFYLHNSNTDRIWAIWQALQKYRGKPYNVANCAVTSMREPLQPFGLSANI
NTDHTVKEHSVPFNVDYKTNFNIEYDTEFNGLSISQLNKKLEAIKSQDRFFAGFLLSGFKKSSL
VKFNICTDSSNCHPAGEFYLLGDENEMPWAYDRVKYDITEKLHDLKLHAEDHFYIDYEVFDLKPA
SLGKDLFKQPSVIEHPRI

DOMÄNE D

GHHEGEVYQAEVTSANRIRKNIENLSLGELESRLAAFLIENDGTYESIAKFHSGPGLCQLNGNPI
CCVHGMPFTFPHWHRLTYLVVVENALLKKGSSVAVPYWDWTKRIEHLPHLISDATYVNSQHYETN
PFHHGIDITHENEITTRDPKDSLFSDDYFYEQVLYALEQDNFCDFEIQLEILHNALHSLGGKGKYS
MSNLDYAADFVPVFLHHATTDRIWAIWQDLQRFKRKPYREANCAIQMLHTPLQFPDKSDNNDEATK
THATPHDGEFYQNSFGYAYDNLELNHYSIPQLDHMLQERKRHRDVFAGFLLHNIGTSADGHVFCVL
PTGEHTKDCSHEAGMFSILGGQTEMSFVFDRLYKLDITKALKKNGVHLQGGDFDLEITITAVNGSHL
DSHVIHSPITILFEAG

DOMÄNE E

TDSAHTDDGHTEPVMIRKIDITQLDKRQQLSLVKALESMAKADHSSDGFQAIASFHALPPLCPSFAAS
KRFACCVHGMATFPQWHRLTYVQFQDSLKRKHGAVVGLPYWDWTLPRSELPPELLTVSTIHDPEGRD
IPNPFIGSKIEFEGENVHTKRDINRDLRFGQSTKTHHNWFIQALLALEQNTNYCDFEVQFEMHNG
VHTWVGGEKPEYIGIHLHYASYDPLFYIHHSQTDRIWAIWQSLQRFGLSGSEANCAVNLMKTPFKP
FSFGAPYNLNDHTHDSFKPEDFDYQKFYIYDTEFAGWSIRGIDHIVRNRQEHRSRVFAGFLLEG
FGTSATVDFQVCRTAGDCEADGYFTVLGGEKEMPWAFDRLYKYDITETLDMKNLRHDEIFQIEVTI
TSYDGTVLSDSLGIPPSIYDPAH

DOMÄNE F

HDISSHHLSLNKVRHDLSTLSEKDIGSLKYALSSQLADTSADGFAAIASFHGLPAKCNDSHNEVA
CCIHGMPFTFPHWHRLTYLQFEQALRRHGSSVAVPYWDWTKPIHNIHPLFTDKYEDVWRNKVMPNP
FARGYVPSHDTYTVRDVQEGLFHLSSTGEHSALLNQALLALEQHDYCDFAVQFEVMHNTIHYLVGG
PQVYSLSSLHYASYDPIFFIHHSFVDKVVAVWQALQEKRGFLPSDRADCAVSLMTQNMRFPHYIEIN
NQFTKKHAVPNVDFKYELGLGYDNLEIGGMNLHEIEIKDKQHHRVVFAGFLLHGIRTSADVQF
QICKTSEDCHHGQGI FVLGGTKEMAWAYNRLFKYDITHALHDAHITPEDVFHPESEPFIFIKSVTAV
NGTVLPASILHAPTIIEYEPGLG

DOMANE G

DHHEDHHSSMAGHGVRKEINTLTAEVDNLKDAMRAVMADHGPNGYQAIAAFHGNPPMCPMPDGK
NYSCCTHGMATFPHWHRLYTKQMEDALTAHGARVGLPYWDGTTAFTALPTFVTDEEDNPFHHGHID
YLGVDTTSPRDKLFNDPERGSESEFFYRQVLLALEQTD

Figur 10

Genomische Sequenz des KLH2-Gens

DOMÄNE 2B

GGCTGCCCTACTGGGATTGGACCATTGCCAATGAGTCATTGGCCAGAACTGGCTACAAGTGAGACC
TACCTCGATCCAGTTACTGGGAACTAAAAACAACCTTTCCATCACGCCCAAGTGGCGTTTGAA
AATGGTGTAAACAAGCAGGAATCCTGATGCCAACTTTTATGAAACCAACTTACGGAGACCCACACT
TACCTCTTCGACAGCATGATCTACGCATTGAGCAGGAAGACTTTCGCCACTTTGAAGTCCAATAT
GAGCTCACGCATAATGCAATACATGCATGGGTTGGAGGCAGTGAAGATATTCAATGTCTCTCTCT
CACTACACTGCTTTTGATCCTATATTTTACCCTCCATCACTCAAATGTTGATCGTCTCTGGGCCATT
TGGCAAGCTCTTCAAATCAGGAGAGGCCAAGTCTTACAAGGCCCACTGCGCCTCGTCTCAAGAAAGA
GAACCATTAAGAGCCTTTTGCACTTCAGTTCCTCCACTGAACAACAACGAGAAAACTGACCACAACCTCT
GTCCCACTAAGCTTTTATGACTATGTGGGAGTTTTCGACTATCGATATGATGACCTTCAGTTTGGC
GGTATGACCATGTGAGAAGTTGAGGAATATATTCACAAGCAGACACAACATGATAGAACCTTTGCA
GGATTCCTCTCTCATATATTTGGAACATCAGCAAGCGTAGATATCTTCATCAATCGAGAAGGTCAT
GATAAATACAAGTGGGAAGTTTGTAGTACTTGGTGGATCCAAAGAAATGAAATGGGGCTTTGAT
AGAATGTACAAGTATGAGATCACTGAGGCTCTGAAGACGCTGAATGTTGCAGTGGATGATGGGTTT
AGCATTACTGTTGAGATCACCAGTGTGTGATGGATCTCCCCATCTGCAGATCTCATTCCACCTCTCT
GCTATAACTTTGACGTGTCAGAG

INTRON 2B/2C (SEQ ID NO:147)

GTATTTAAAAAAGTAATAAAACCATATTTTCGAATGCGCTTTATGAAATATCGTGTGACTGGTTCT
TTAGTTTACATGGAGTGTGATGACACACATGCTCCATCAGTTGACATATAGTCTCACACAAAGTAAGGG
ATATTTGATATATGATAACAAATATAATCAAAGCGGTTATACTATCAAGACTTATTCACATAATTAC
AGGTGAAGGGAGGTGTGATCGTGTTCAGTGATCAGGTTGAGGCCAGAGAAGTCCCAGTTTGAGTCT
TGCAGAAGATGATGTTTAGGCATGGGGTCGAATCACCAAAATCACATGACTTCAATAACGGGTTGG
ACCACCTCGAGCGACGATGCAAGCAGTAGAGCGCTACGCATGCTCCTGATAGGCGGACCAATCTG
TTCTGGGGAATCAGTCGCCACTCCTCTTGTAGTGCCACGCTCATTCTGCTACGGTCTCGGGTAC
CTGCTATCGGGTCTTGATCCGTATCCCAAGGATGTCCACACATGTTCAAGGTGAGAGGTGCGGGGA
ACATCGCTGCCCACGGTGAAGGTCGAATTTGATGCCGTTGAAGTGAAGTCTGACAACTGAGCAT
GGTAGGCTCTGAGCTGTGCTGCTGCTGAAAGATGAATCCAGCTCCATGACAGCGAGCAAGGGCAGGA
CGTGTGGTCAATGCAAGTTGCTCTGCAGTACACACCTGTCACTCGCCACTCACAAGCGTGTAGAT
CTGTACGACCAAGTATGGAGATCCGAGCCACATCATAAACGAGCCCTATCCATACCGATCATGAG
CCACATAGCAGCGCTCTTGATGACGTTCTCCCTGTGCGCTCGACATCCTCACACGCCCAAAGGAA
CGTGGACTCGTCTACTGAAATGACATTAGCCAACTGGCACTTGTCCACCGCTGATGTTGGCGAGA
CCATTCCAGTCGAGCTCTCTCGGTGCTCGGCTTTATCGATAACACAGCACTGAAGGTCTGCGGCGTG
CAAGACGGCTCTATGCAAGCGATTTCCGATTGTCTGGGTGCTAACTCTGATCCCAGGTGCCTGCTG
AAGTTGATGCTGGATCTGTGTGGCATTGAGATGGCGGATTCCTTAGGACTGTGGAGATGATGAATCG
ATCTTGACTTATGGTGGTACATTAGGACGTCGGGTTCTGTCTCTATCTGCACTCTCCAGTTGT
TCGGTGACGCTCTGGTACCGGCTGATTACTGACTGAGAATATCCATCTGCCGTGCGACATGAGCC
TGTGTTGGCCAGCGCTGAAGCATTGCAATCGCCAGAGACGCTCTTCAAAGTCAATTCGACGCATG
TTTTCTGTTCAAAATGACAGCGTAAACAGTTTTTGGTGCTTTTATGCTTCCAGAGCATGAA
AACACGTTCTATGGGTCGTGCACACCTTACATGACAAGTGTGAAAAGTGACTTGCACCCCTTGTG
TGTTCCGATGCACACTCTGTTTACGTACTGATGCGATTTGGCGTCTAAACATGTTTGGCGCTTAA
ACATGTTTTCTGCTGATGATTTCATATACTATTTTGTGATATTCCTGGCATCAAACCAAACACAGT
AATAATATTTCAATATCCCTTACTTTGTGTGAGTAGTAGATGACCTGCGAGACAACTATAGACAA
TGCAAGTACACCGTCAACATCCAGCTATTAAATATGATGACACTTCCACACATAGTGTGCAAGTGA
TTGTAATTCACACTGTACACACTTTTCCCGTGAACATTACAGATCTATATGACTAAATATATAACAT
TAGTATACGTGACGTTTGTATCGCTACGACATGTTGTGAACCTTTTGTGTTAATCATTTAACAG

DOMÅNE 2C

CTGATGCCAAAGACTTTGGCCATAGCAGAAAAATCAGGAAAGCCGTTGATTCTCTGACAGTCGAAG
AACAAACTTCGTTGAGCGGAGCTATGGCAGATCTACAGGACGACAAACATCAGGGGGTTTCCAGC
AGATTGCAGCATTCCACGGAGAACC AAAATGGTGTCCAAGCCCCGAAGCGGAGAAAAAATTTGCAT
GCTGTGTTTCATGGAATGGCTGTTTCCCTCACTGGCACAGATTGCTGACAGTTCAAGGAGAAAAATG
CTCTGAGGAAACATGGATTACTGGTGGATTGCCCTATTGGGACTGGACTCGGCCAATGAGCGCCC
TTCACATTTTGTGTGATCCTACTTACAAATGATTCTGTTTCCAGCCTCGAAGAAGATAACCCAT
GGTATCATGGTCACATAGATTCTGTTGGGCATGATACTACAAGAGCTGTGCGTGATGATCTTTATC
AATCTCCTGGTTTCGGTCACTACACAGATATGCAAAACAAGTCCCTTCTGGCCTTTGAGCAGGACG
ATTTCTGTGATTTTGAGGTACAATTTGAAATTGCCATAAATTTTCATACATGCTCTGGTTGGTGGTA
ACGAACCATACAGTATGTCATCTTTGAGGTATACATACATACGATCCAATCTTCTTCTTGCACCGCT
CCAATACAGACCGACTTTGGGCCATTGGGCAAGCTTTGCAAAAATACCGGGGGAAACCATACAACA
CTGCAAACTGTGCCATTGCATCCATGAGAAAACCACTTCAGCCATTTGGTCTTGATAGTGCATAA
ATCCAGATGACGAAACTCGTGAACATTGGTTCCTTTCCGAGTCTTCGACTACAAGAACAACCTCG
ACTATGAGTATGAGAGCCTGGCATTTAATGGTCTGTCTATTGCCCAACTGGACCGAGAGTTGCAGA
GAAGAAAGTCACATGACAGAGTTCTTGCAGGATTCCCTTCTCATGAAATTGGACAGTCTGCACCTCG
TGAATTTCTACGTTTGCAAAACAATGTATCTGACTGTGACCATTATGCTGGAGAATTTACATTT
TGGGAGATGAAGCTGAGATGCCTTGGAGGTATGACCGTGTGTACAAGTACGAGATAACACAGCAGC
TGCAGATTTAGATCTACATCTGAGTTGGAGATAATTTCTTCCTTAAATATGAAGCCTTTGATCTGAATG
CGGGAAGTCTTGGTGAAGTATCTTTCTCAGCCTTCGGTGATTTTCGAGCCAGCTGCAG

INTRON 2C/2D (SEQ ID NO:148)

GTATGTTTTAAATGTCACTTATCCGTGATCTGTAATGAAGTTAGCAATTCACCTTTATCAACTGTTT
GGCTGTACTGTTTCAGTGCAGAGTTTTACTTAGGTTGGATTAATTAATAATTTCAAGCTCATAAATG
TTTTGATTCAACTTTTGTATTATTATTCAAACAG

DOMÅNE 2D

GTTCACACCAGGCTGATGAATATCGTGAGGCAGTAACAAGCGCTAGCCACATAAGAAAAAATATCC
GGGACCTCTCAGAGGGGAGAAATGAGAGCATCAGATCTGCTTTCCCTCCAAATTCAAAAAGAGGGTA
TATATGAARAACATTGCAAAAGTTCATGGAAAACAGGACTTTGTATGACATGATGGACATCTCTGTG
CTTGTGTGTCCATGGCATGCCACCTTTCCCCACTGGCACAGACTGTACGTCTTCAGGTGGAGA
ATGCGCTCTTAGAACGAGGGTCTGCAGTTGCTGTTCCTTACTGGGACTGGACCGAGAAAGCTGACT
CTCTGCCATCATTAATCAATGATGCAACTTATTTCAATTCACGATCCGAGACCTTTGATCCTAATC
CTTCTTCAGGGGACATATTGCCTTCGAGAATGCTGTGACGTCAGAGATCCTCAGCCAGAACAT
GGGACAAATAAGGACTTCTACGAGAATGTCTGCTGGCTCTTGAGCAAGACAACCTCTGTGACTTTG
AGATTCAGCTTGAGCTGATACACAACGCCCTTCATCTAGACTTGGAGGAAGGGCTAAATACTCCC
TTTCGCTCTCTGATTATACCGCATTTGATCCTGTATTTTCCCTTCACCATGCAAAACGTTGACAGAA
TCTGGGCCATCTGGCAGGAGCTTGACAGATATAGAAAAGAACCATACAATGAGGCTGCATGCGCAG
TCAACGAGATGCGTAACCTCTTCAACCATTTAATAACCCAGAACTTAACAGTGATTCCATGACGC
TTAAACACAACTCTCCACAAGACAGTTTGTATTATCAAAACCGCTTCAGGTACCAATATGATAACC
TTCAATTTAACCACTTCAGCATACAAAAGCTAGACCAAACTATTCAAGCTAGAAAACAACACGACA
GAGTTTTTGCTGGCTTTATTCTTCAACATTTGGGACATCTGCTGTTGTAGATATTTATATTGGC
TTGAACAAGGAGGAGAAAACATGCAAGACAAGCGGCTTCCCTCAGCACTTCGCGGGGAGAA
CAGAAATGCCATTTCCACTTTGACCGCTTGACATAAATTTGACATAACGCTGTGCTCTGCATAAACTGT
GTGTTCCCTTGGACGGACATGGATTTCGACATCAAAGTTGACGTCAGAGCTGTCAATGGATCGCATC
TTGATCAACACATCCTCAACGAACCGAGCTCTGCTTTTGTTCCTGGTGAACGTAAGAATATATATT
ATG

INTRON 2D/2E (SEQ ID NO:149)

GTTATAAAGCAGTATATTCTCTTCAAAAAAGTAGGGGAACCTTGAATTTCAAGGTAATAACATAA
CTACCTTCAACGGCACAAATCCATATGATGCCCTGGCCAGCAATGAGGCCGTGATCTTTTCCCAT
TAAAAATGCTCGGAACATCTTGGGCAACCGTGTGCGTCAACGTAAAACGCCACCAAGTCAGCGTAGA
TGAACCTGTGCCAGGCGTTGGTGGGAAGAAATGGGACAGACTGCATCAATTACCAATAAGTAGACTCATT
TGCAGCGAATCAGTCAGTGTGTTGACCAATAACGGGGGCATTACGCACACTGACGCGAAAACAATGT
CAATTTCCGTTTCTTACCCATTCCCTTCTTTCACGGACCATAACAGCAAGAGAACTGNTTAGGTAA
TGAATACCGGTGAATTATTGTTAACTGGATTCCCTCTTTGTAAGATACAATTAGTTTGGGACCA
ATTATTATTATCATTAGTTTGTATTGACCTTGAATTCGAAGTTCCTCTACATTTTTTAAGGAGT
TTATTTGATTGACAATGAAATGTAAGAAAAGAGCAAAATCGTAAATACGTTAAAAATTATTCCTTA
AACATCAGTCTCTAACTTCAGTTTAAATTGCCAGTAACACGTGTTATATGATGTTTCCGTTTCTCT
TTGTTTTTAGCATTCAACTTATTGATATAACGTTTACTGTTTTAGATTTCATCACTAAACTGCAG

DOMÄNE 2E

ATGGGCTTTCAACAACATAATCTTGTGCGAAAAGAAGTAAGCTCTCTTACAACACTGGAGAAACATT
TTTTGAGGAAAGCTCTCAAGAACATGCAAGCAGATGATTCTCCAGACGGATATCAAGCTATTGCTT
CTTCCACGGTTTGCCTCCTCTTTGTCCAGTCCATCTGCTGCACATAGACACGCTTGTGCTCCTC
ATGGTATGGCTACCTTCCCTCAGTGGCACAGACTCTACACAGTTCAGTTCGAAGATTCTTTGAAC
GACATGGTCTTATTGTCGCACTTCCATATTGGGATTGGCTGAAACCGCAGTCTGCACCTCCCTGATT
TGGTGACACAGGAGACATACGAGCACCTGTTTTCACACAAAACCTTCCCAAAATCCGTTCTCTCAAGG
CAATATAGAATTGTAGGGAGAGGGAGTAACACACAGAGAGGGATGTTGATGCTGAACACCTCTTTG
CAAAAGGAAATCTGGTTTACAACAACCTGGTTTGAATCAGGCACATATGCACTAGAACAAAGAAA
ATTACTGTGACTTTGAAATACAGTTCGAATTTTGCATAATGGAATTCATTTCATGGGTGGAGGAT
CAAGACCCATTCAATAGGTCATCTTCATTACGCATCATAGATCCACTGTTCTATATCCACCAT
CGCAGACAGATCGCATTTGGGCTATCTGGCAAGCTCTCCAGGAGCAGAGGCTTTTCAGGGAAGG
AAGCACACTGCGCCCTGGAGCAAATGAAAGACCCCTCTCAAACCTTTTCAGCTTTGGAAGTCCCTATA
ATTTGAACAAACGCACTCAAGAGTTCTCCAAGCCTGAAGACACATTTGATTATCACCAGTTTCGGGT
ATGAGTATGATTCCTCGAATTTGTTGGCATGCTGTTTCAAGTTTACATAACTATATAAAACAAC
AACAGGAAGCTGATAGAGTCTTCGCAGGATTCTCTTAAAGGATTTGGACAATCAGCATCCGTAT
CGTTTGATATCTGCAGACCAGACAGAGTTGCCAAGAAGCTGGATACTTCTCAGTCTCGGTGGAA
GTTCAGAAATGCCGTGGCAGTTTGACAGGCTTTACAAAGTACGACATACAAAACAGCTTGAAGACA
TGAACCTGCGATACGATGACACATTTACCATCAAGGTTACATAAAGGATATAGCTGGAGCTGAGT
TGGACAGCGATCTGATTCCAACCTCTCTGTTCTCCTTGAAGAAGGAAAGC

INTRON 2E/2F (SEQ ID NO:150)

GTATGTATCTCATGTTTCTCAAATAATTTGATTTTCAATGCCCTTACTATAAAGCACAGTTATTGT
TCAGTGGCAGTAACCGTTTATTTACGTAAATGTTACAGGCTATTATAATCAAAAATACATTACCGA
TATGTTTACCACACAAATATATCATTGTCAAATCTACCCCATTTACCTGCGTTTTTGAAATTTGTA
ACCTTCTGACAAAAATGAATTAGCAAGAGCTCTGATGAAGAACATAATGAACAAACATCTATCTTTC
TTCTTTCAATGACGGTTTAAACAATACAATGCACAATGTAAAAAATATATATATATATAATTTT
ATATCTACAGTTAATGCAATGACTCCACTAATTTCAGGGAACACATTTTCAG

DOMÄNE 2F-1 (1. Teil Domäne f)

ATGGGATCAATGTACGTCACGTTGGTCGTAATCGGATTGATGGAACATCTGAACTCACCGAGA
GAGATCTCGCCAGCCTGAAATCTGCAATGAGGCTCTACAAGCTGACGATGGGGTGAACGGTTATC
AAGCCATTGCATCAATTCACGGTCTCCCGCTTCTTGTATGATGATGAGGACATGAG

INTRON 2F (SEQ ID NO:151)

GTAAAAATAAACGTCACGATCATCGGAAACCCGCCAGATATATGGGTTTTTTCTATTAAACAAA
 AAAGCAGAGACAAAAAGATTATTAAGTCACATTAACTTGATATCAGATCAATAGTTTGCGTAG
 TTAGTGCTCTATATCCCTCAAATCCTTCGAATCTTTAAGCCTCGTGATATTTTGACAAACAGAGAA
 GACTTAGTAGCCAGACTTTCCTTATTTTTTCTGAAATCTTAATACGGATATTAATGGATTG
 ATTCGCAACCTACAACCATAGCCCATATGTTATTATTTCAG

DOMÄNE 2F-2 (2. Teil Domäne f)

ATTGCGCTGTGTATCCACGGAATGCCAGTATTTCCACACTGGCACAGGCTTTACACCCCTGCAATG
 GACATGGCTCTGTATCTCACGGATCTGCTGTGCTATTCCATACTGGGACTGGACCAAACTATC
 AGCAAACTGCCCTGATCTCTTACCAGCCCTGAATATTACGATCCTTGGAGGGATGCAGTTGTCAAT
 AATCCATTTGCTAAAGGCCTACATTAATCCGAGGACGCTTACACGGTTAGGGATCCTCAGGACATT
 TTGTACCCTTGCAGGACGAAACGGGAACATCTGTTTGTGTAGATCAAACCTCTTTAGCCTTAGAG
 CAGACAGATTCTCTGTGATTTTGAGGTTCAATTTGAGGTCGTCCATAATGCTATTCTACTACTTGGTG
 GGTGGTCGACAAGTTTATGCTCTTTCTTCTCAACACTATGCTTCATATGACCCAGCCTCTCTTATT
 CATCACTCCTTTGTTGACAAAATATGGGCAGTCTGGCAAGCTCTGCAAAAGAAGAGAAAGCGTCCC
 TATCATAAAGCGGATTTGTGCTCTTAACATGATGACCAAACCAATGCCACCATTGTCACACGATTTT
 AATCACAATGGATTACAAAAATGACCGCAGTCCCCAACACTCTATTGACTTTTCAGGACCTTTTC
 TACAGTATGACAACTTAGAAATTTGCTGGCATGAATGTTAATCAGTTGGAAGCGGAAATCAACCGG
 CGAAAAAGCCAAACAGAGTCTTTGCCGGGTTCTTCTACATGGCATTGGAAGATCAGCTGATGTA
 CGATTTTGGATTGCAAGACAGCTGACGACTGCCACGCATCTGGCATGATCTTTATCTTAGGAGGT
 TCTAAGAGATGCACTGGCCCTATGACAGGAACCTTAAATACGACATCACCCAAGCTTTGAAGGCT
 CAGTCCATACACCCCTGAAGATGTGTTGACACTGATGCTCCTTTCTTCATTAAGTGGAGGTCAT
 GGTGTAAACAAGACTGCTCTCCATCTTACGCTATCCAGCACCTACTATAATCTACTCAGCTGGT
 GAAG

INTRON 2F-2/2G (SEQ ID NO:152)

GTGAGAGAACTATAATAGTGTATGTCGGCAAAAAATGTGCTCATATCATGACTCTGTTGGCCGGT
 GGTGTGCTCTCCTCTCCTCTCCACCACCACCGGTACCTCCACCTGTCAGGGCATCAATGTACCATG
 AAAATGTCTACAATATCATAGGCTCCTGTAGAAGCAGCTAAGATTACATGGCCGGTTTGAATCATG
 TTTAAAGTGCTTTCACAGTAAACAAAACCCAGTCTCTAAAGATTAATGTCTGTTTAAATTTAATGCC
 ACATTTTCAACTGACATATTCTTGCAATTAAGTACAAATGAAGTAGTATAAATTATCCACAAATAG
 CGTGATGCCACACAATATAAACCGAGTGCTTTTGGCATTCCCCTACTGTTCTGGCATGATCAC
 ATCATAGATCTCGTTTATGAAGATACTGTTGGATGCTTTTCCCAATATGCCCAATCTGTTAAAT
 TATTTACAGCAGCCGAGTGTGTACTTTCATCACTCAGATCTTACAATGTGTTGTACGCTTTACA
 ATTAGCGTTATGATTGAAATATTACCCCTGCTACGTTAAATCACATTCACTCACTCATCTGATGT
 ACTTTACAGGTCATACCGATGATCAGGGCTCAG

DOMÄNE 2G-1 (1. Teil Domäne g)

ATCATATTGCTGGCAGTGGAGTCAGGAAAGACGTGACGCTCTCTTACCCGATCTGAGATAGAGAACC
 TGAGGCATGCTCTGCAAGCGGTGATGGATGATGGAGCCCAATGGATTCCAGGCAATTGCTGCTT
 ATCAGGGAAGTCTCCCATGTGTACATGCCTGATGGTAGAGACGTTGCATGTTGTACTCATG

INTRON 2G-1/2G-2 (SEQ ID NO:153)

GTCAGTATTCTCCAATATGTTTGACTAGTGTCTTGCTCATGTATCAACTATTTTAGGCAACGTTTT
 TGATTGTTATGGTATTTTCATGATATGATTTTATTGCTACCTCTATACCCAAACAAAAATGTTTTA
 TCAACAATTGTTTGAGTTTTAATGCAAGAAAAATTATCAGGAGTAGCGTGCAAAAATGACTGGAAGG
 CATGGTGACTTCTGTGTGACATACAAGTGGGTAATGGCTTATTGAACCTGTAATCACTCGTTTC
 AG

DOMÄNE 2G-2 (2. Teil Domäne g)

GAATGGCATCTTTCCCTCACTGGCACAGACTGTTTGTGAAACAGATGGAGGATGCCTGGCTGCGC
ATGGAGCTCACATTGGCATACCATACTGGGATTGGACAAGTGCCTTTAGTCATCTGCCTGCCCTAG
TGACTGACCACGAGCACAAATCCCTTCCACCAC

INTRON 2G-2/2G-3 (SEQ ID NO:154)

GTCAGTATTCTCCAATATGTTTGACTAGTGTCTTGCTCATGTATCAACTATTTTAGGCAACGTTTT
TGATTGTTATGGTATTTTCATGATATGATTTTATGCTACCTCTATACCCAAACAAAATGTTTTA
TCAACAATTGTTTGAGTTTTAATGCAAGAAAATTATCAGGAGTAGCGTGCAAAAATGACTGGAAGG
CATGGTGTACTTCTGTGTGTACATACAAGTGGGTAAATGCCTTATTGAACCTGTAATCACTCGTTTC
AG

DOMÄNE 2G-3 (3. Teil Domäne g)

GGACATATTGCTCATCGGAATGTGGATACATCTCGATCTCCGAGAGACATGCTGTTCAATGACCCC
GAACACGGGTGAGAATCATTTCTCTATAGACAGGTCTCTTGGCTCTAGAACAGACAGACTTCTGC
CAATTTGAAGTTCAGTTTGAATAACACACAATGCAATCCACTCTTGGACTGGAGGACATACTCCA
TATGGAATGTCATCACTGGAATATACAGCATATGATCCACTCTTTTATCTCCACCATTCCAACACT
GATCGTATCTGGGCCATCTGGCAGGCACTCCAGAAATACAGAGGTTTTCAATACAACGCAGCTCAT
TGCGATATCCAGGTTCTGAAACAACCTCTTAAACCATTACGCGAGTCCAGGAATCCAACCCAGTC
ACCCAGAGCCAAATTCTAGGGCAGTCGATTCTTTGATTATGAGAGACTCAATTATCAATATGACACA
CTTACCTTCCACGGACATTCTATCTCAGAACTTGATGCCATGCTTCAAGAGAGAAAGAAGGAAGAG
AGAACAATTTGCAGCCTTCTGTTGCACGGATTTGGCGCCAGTGCTGATGTTTCGTTTGTATGCTGC
ACACCTGATGGTCATTGTGCCTTTGCTGGAACCTTCGCGGTACTTGGTGGGAGCTTGAGATGCCC
TGGTCTCTTTGAAAGATTGTTCCGTTACGATATCACAAGGTTCTCAAGCAGATGAATCTTCACTAT
GATTCTGAGTTCACITTTGAGTTGAAGATTGTTGGCACAGATGGAACAGAACTGCCATCGGATCGT
ATCAAGAGCCCTACCATTGAACACCATGGAGGAG

INTRON 2G/2H (SEQ ID NO:155)

GTATGTTTTGAGATCCACATAATCTTCACTGCTCTCATTCTAATGCTCTTCAATACACAATTT
ATATAGCCTTTGAGCTTCAGATGTATTACGGACAGGCATTACAGTATACATGTAATATGGTTTTCT
GCTATTTGCAAAAATGTGTCTATCTCTGTTAGATCATCATGGCGGTGACACCTAG

DOMÄNE 2H (SEQ ID NO:159)

GTCACGATCACAGTGAACGTCACGATGGATTTTTAGGAAGGAAGTCGGTTCCCTGTCCCTGGATG
AAGCCCAATGACCTTAAAAATGCACTGTACAAGCTGCAGAATGATCAGGGTCCCAATGGATATGAAT
CAATAGCCGGTTACCATGGCTATCCATTCTCTGCCCTGAACATGGTGAAGACCAGTACGATGCT
GTGTCCACGGAATGCCTGTATTTCCACATTGGCACAGACTTCATACAATCCAGTTTGAGAGAGCTC
TCAAGAACATGGTTCTCATTTGGGTCTGCCATACTGGGACTGGAC

Figur 11

Primärstruktur des KLH2-Proteins

DOMÄNE B

GLPYWDWTPMPSHLPELATSETYLDPVTGETKNNPFHHAQVAFENGVTSRNPDAKLFMKPTYGDHT
 YLFDSMIYAFEQEDFCDFEVQYELTHNAIHAWVGSEKYSMSLSLHYTAFDPIFYLHHSNVDRWLWAI
 WQALQIRRGKSYKACASSQEREPLKPFASFSSPLNNEKTYHNSVPTNVYDVGVLYHRYDDLQFG
 GMTMSELEYEYHKQTHDRTFAGFLSYIGTSASVDIFINREGHDKYKVGFSVVLGGSEKMKWGFD
 RMYKYEITEALKTLNVAVDDGFSITVEITDVGSPSPSADLIPPAAIIFDVVR

DOMÄNE C

ADAKDFGHSRKIRKAVDLSITVEEQTSLLRAMADLQDDKTSGGFQQAIAAFHGEPKWCPSPAEAKKFA
 CCVHGMAVFPWHRLTLTVQGENALRKHGFTGGPLYWDWTRPMSALPHFVADPTYNDSVSSLEEDNP
 WYHGHIDSVDGHTTRAVRDDLYQSPGFGHYTDIAKQVLLAFEQDDFCDFEVQFEIAHNFIHALVGG
 NEPYSMSSRLRYTTYDPIFFLHRSNTDRLWAIWQALQKYRGKPYNTANCAIASMRKPLQPFGLDSVI
 NPDDREHRSVPFRVFDYKNNFDYYESLAFNGLSIAQLDRELQRRKSHDRVFAGFLLHEIGQSAL
 VKFYVCKHNVSDCDHYAGEFYILGDEAEMPWRVDRVYKYEITQQLHDLDLHVGNDFLKYAEFDLN
 GGSLGGSIFSQPSVIFEPAA

DOMÄNE D

GSHQADEYREAVTSASHIRKNIRDLSEGEIESIRSAFLQIQKEGIYENIAKFHGKPGLCHEHDGHPV
 ACCVHGMPFTPHWHRLYVLQVENALLERGSAAVVPYWDWTEKADSLPSLINDATYFNRSRQTFDPN
 PFFRGHIAFENAVTSRDPOPELWDNKKDFYENVMLALEQDNFCDFEIQLELIHNALHSRLGGRAKYS
 LSSLDYATFDVPVFLPHHANVDRIWAIWQDLQRYRKPEYNEADCAVNEMRKPLQPFNNPELNSDSMT
 LKHNLPQDSFDYQNRFRYQYDNQLFNHFSIQKLDQTTQARKQHDRVFAGFLLHNTGTSAVVDIYIC
 VEQGEQCNCKTKAGSFTILGGETEMPFHFDRLYKFDITSALHKLGVPLDGHGFDIKVDVRAVNGSH
 LDQHILNEPSLLFVPGERKNITY

DOMÄNE E

DGLSQHNLVRKEVSSLTTLEKHFLRKALKNMQADDSFDGYQAIASFHALPPLCPSPSAAHRHACCL
 HGMATFPQWHRLYTVQFEDSLKRHGSIVGLPYWDWLKQPSALPDLVTQETYEHLFSHKTFPFPFLK
 ANIEFEGEGVTERDVEDAEHLFAKGNLVNWNFCNQALYALEQENYCDFEIQFEILLHNGIHSWVG
 SKTHSIGHLHYASYDPLFYIHHSQTDRIWAIWQALQEHRLSGKEAHCALEQMCKDPLKPFSSFGSPY
 NLNKRTEQFSKPEDTFDYHRFGYEYDSLEFVGMVSVSSLHNYIKQQEQADRVFAGFLLKGFGQSASV
 SFDICRPDQSCQAGYFVVLGGSSMPWQFDRLYKYDITKTLKDMKLYRDTFTTIKVHIKIDIAAGE
 LDSDLIPTPSVLLLEEGK

DOMÄNE F

HGINVRHVGRNIRMESELTERDLASLKSAMRSLOADDGVNGYQAIASFHGLPASCHDDEGHEIA
 CCIGHMPFPWHRLYTLQMDMALLSHGSAAVPIYWDWTKPISKLPDLTSPPEYDPRDVAVNNP
 FAKGYIKSEDAYTVRDPQDILYHLQDETGTSVLLDQTLLEALQTDFCDFEVQFEVFNHAIHYLVGG
 RQVYALSSQHYASYDPAFFIHHFSVDKIWAWVWQALQKKRKPYPHKADCALNMMTKPMRPFADFHNH
 NGFTKMHAVPNTLFDQDLFTYTDNLEIAGMNVNQLAEAINRRKSQTRVFAGFLLHGIGRSADVRF
 WICKTADDCHASGMIFILGGSKEMHWAYDRNFKYDITQALKAQSIHPEDVFDTDAPFFIKVEVHGV
 NKTALPSSAIPAPTIISAGE

DOMÄNE G

DHIAGSGVRKDVTSLTASEIENLRHALQSVMDDDGPNGFQAIAYHGSPPMCHMPDGRDVACCTHG
 MASFPWHRLFVKQMEDALAAHGAHIGIPYWDWTSFASHLPALVTDHEHNPFHHGHIHARNVDTSR
 SPRDMLFNDPEHGSSEFFYRQVLLALEQTDFCQFEVQFEITHNAIHSWTGGHTPYGMSSLEYTAYD
 PLFYLLHNSNTDRIWAIWQALQKYRGFYQYNAAHCDIQVLKQPLKPFSESRNPNPVTTRANSRAVDSFD

YERLNYQYDTLTFHGHSELDAMLQERKKEERTFRAFLHGFASADVSFDVCTPDGHCAFAGTF
AVLGGELEMPWSFERLFRYDITKVLKQMNLYHDSFHFELKIVGTDGTELPDRIKSPTIEHHGG

DOMĀNE H (SEQ ID NO:158)

GHDHSERHGDFRKEVGSLSLDEANDLKNALYKLQNDQGPNGYESIAGYHGYPFLCPEHGEDQYAC
CVHGMFVFPFHWRLHTIQFERALKEHGSHLGLPYWDW

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Biosyn Arzneimittel GmbH

<120> Nukleinsäuremolekül, umfassend eine für ein Hämocyanin kodierende Nukleinsäuresequenz und mindestens eine Intronsequenz

<130> PCT1220-01966

<140>

<141>

<160> 108

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 1269

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 1

```

ggcttggtca gtttctactc gtcgcccttg tggcgggggc tggagcagac aacgtcgta 60
gaaaggacgt gagtcacctc acggatgacg aggtgcaagc tctccacggc gccctccatg 120
acgtcactgc atctacaggg cctctgagtt tcgaagacat aacatcttac catgccgcac 180
cagcgctcgtg tgactacaag ggacggaaga tcgctcgtctg tgtccacggg atgcccagtt 240
tcccctctctg gcacagggca tatgtcgtcc aagccgagcg ggcaactgtt tccaaacgga 300
agactgtcgg aatgccttac tgggactgga cgcaaacgct gactcactta ccatctcttg 360
tgactgaacc catctacatt gacagtaaag gtggaaggc tcaaaccaac tacttggtacc 420
gcggcgagat agcgttcatc aataagaaga ctgcgcgagc tgtagatgat cgctattcg 480
agaagggtga gcctgggtcac tacacacatc ttatggagac tgtcctcgac gctctcgaa 540
aggacgaatt ctgtaaattt gaaatccagt tcgagttggc tcataatgct atccattact 600
tgggtggcgg taaatttgaa tattcaatgt caaacttgga atacacctcc tacgacccca 660
tcttcttctc ccaccactcc aacgttgacc gcctcttcgc catctggcag cgtcttcagg 720
aactgcgagg aaagaatccc aatgcaatgg actgtgcaca tgaactcgct caccagcaac 780
tccaacctct caacagggac agcaatccag tccagctcac aaaggaccac tcgacacctg 840
ctgacctctt tgattacaaa caacttggat acagctacga cagcttaaac ctgaaatgga 900
tgacgcgaga acagctgaaa acagaactag acgaacgcca ctccaaagaa cgtgcgtttg 960
caagcttcgc actcagtggc tttggggggtt ctgccaaagt tgttgctcat gcatgtgtcc 1020
ctgatgatga tccacgcagt gatgactact gcgagaaagc aggcgacttc ttcattcttg 1080
ggggtcaaa gcaaatgcgg tggagattct acagaccctt cttctatgat gtaactgaag 1140
cggtacatca ccttggagtc ccgctaagtg gccactacta tttgaaaaa gaactcttca 1200
gcgtgaatgg cacagcactt tcacctgatc ttcttctca accaactggt gcctaccgac 1260
ctgggaaag
1269

```

<210> 2

<211> 1257

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 2

```

gtcaccttga cccacctgtg catcatcgcc acgatgacga tcttattggt cgaaaaaata 60
tagatcattt gactcgtgaa gaggaaatag agctaaggat ggctctggag agattccagg 120
ccgacacatc cgttgatggg taccaggcta cagtagagta ccattggcctt cctgcgtgtt 180
gtccacgacc agatgcaaaa gtcaggttcg cctgttgtat gcatggcatg gcatccttcc 240
ctcactggca ccggctgttc gttaccaggg tggaaagatgc tcttgtaagg cgtggatcgc 300
ctatcggtgt tccttattgg gactggacaa aacctatgac tcaccttcca gacttggcat 360

```

caaatgagac	gtacgtagac	ccgtatggac	atacacatca	taatccattc	ttcaatgcaa	420
atatactctt	tgaggaggga	cacacatcaca	cgagcaggat	gatagattcg	aaactgtttg	480
ccccagtcgc	ttttggggag	cattcccac	tggttgatgg	aatcctgtac	gcatttgagc	540
agggaagattt	ctcgacacttt	gagattccagt	ttgagtttagt	ccataaattct	attcatgtcgt	600
ggataggcgg	ttccgaagat	tactccatgg	ccacctgtca	ttcacacgcc	tttgacccca	660
ttttctacct	tcattcattcc	aatgtcgatc	gtctatgggc	aatctggcaa	gctcttcaaa	720
tcaggagaca	caagccatat	caagcccact	gtgcacagtc	tggtggaacag	ttgccaatga	780
agccatttgc	tttcccatca	cctcttaaca	acaacgagaa	gacacatagt	cattcagtc	840
cgactgacat	ttatgactac	gaggaaagtgc	tgcaactacag	ctacgatgat	ctaactgttg	900
gtgggatgaa	ccttgaagaa	atagaagaag	ctatacatct	cagacaacag	catgaacgag	960
tcttcgcggg	atttctcctt	gctggaatag	gaacatctgc	actgttgac	attttcataa	1020
ataaaccggg	gaaccaacca	ctcaaagctg	gagatattgc	cattcttggt	ggtgccaagg	1080
aaatgccttg	ggcgtttgac	cgcttgtata	aggtcgaaat	aaactgactca	ttgaagacac	1140
tttctctcga	tgtcgatgga	gattatgaag	tcacttttaa	aattcatgat	atgcacggaa	1200
acgctcttga	tacggacctg	attccacacg	cagcagttgt	ttctgagccca	gctcacc	1257

<210> 3

<211> 1242

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 3

ctacctttga	ggatgaaaag	cacagcttac	gaatcagaaa	aaatgtcgac	agcttgactc	60
ctgaagaaac	aaatgaactg	cgtaaaagccc	tgagagcttct	tgaaaaatgat	catactgtgc	120
gtggatttcaa	tacagctttgc	gccttccatg	gagagccttaa	atggtgacct	aatctctgaag	180
cgagacacaa	gggtgcatac	tggtgtcatg	gcattgctgt	tttccctcat	tgccacagcg	240
ttcttctctc	ccaggcggag	aatgctctta	gaaagcatgg	gtacagttgt	gctctaccat	300
actgggattg	gactcgcgcc	ctttcccaac	ttctgtatct	ggttagtcac	gagcagcata	360
catagctctc	cgaccatcac	gtgaagcata	accctgtggt	caatggccac	atcgatacac	420
taaatcagga	taccaccaga	agcgtacggg	aggatcttcta	tcaacaacct	gaatttggac	480
attttacgga	tattgctcaa	caagtctctc	tagcatttaga	acaagatgac	ttctgttcgt	540
ttgaagtgc	gtatgagatt	tccataaatt	ttatccatgc	actgttgagg	ggaaccgacg	600
cttatggcat	ggcatcgtg	agatatacac	catacgatcc	aatcttttct	ttgcatcatt	660
caaacaccga	caggatctgg	gctattttgc	aatccctgca	aaaatacaga	ggcacaacctg	720
acaacactgc	caactgcgcc	atagaattcta	tgagaaggcc	cctgcaacca	tttgactaa	780
gcagtgccat	taacctctgac	agaaatcacca	gagagcatgc	tatcccgctt	gatgtcttca	840
actatagaga	taacctctcat	tacgtatatg	ataccttgga	atttaattggt	ttgtcgattt	900
cacaacttga	tagagagctg	gaaaaaatca	agagtcaacga	aagagtattt	gctggattct	960
tgctgtcggg	gattaaaaaa	tctgctcttg	tgaatttcga	agtttgtact	ccacctgata	1020
attgtcataa	agcaggggag	ttttatctac	tcggggacga	aaacgagatg	gcttggtgct	1080
atgacgcagt	tttcaagtat	gatattactc	aggttcttga	agcaaacctat	ctacacttct	1140
atgatcatct	cttcatctgc	tacgaagtct	ttgatcttaa	aggagttagt	ttgggaactg	1200
acctgtttca	cactgcaaat	gtggatcatg	attccggcac	ag		1242

<210> 4

<211> 1239

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 4

gcaccctga	tcgtgataac	tacgttgaa	aagttacttg	ggccagtcac	atcaggaaga	60
atttgacga	cctcaatacc	ggagaatatg	aaagccttag	agctgctttc	ctgcattatc	120
aggacgacgg	aacatagtga	tctattgccc	agtaccatgg	caaacacagg	aaatgtcaat	180
tgaattatga	taattatgca	tggtgtgtcc	atggtatgac	taccttcccc	cagtgggaca	240
gactgtatgt	ggttcagggt	gagaatgctc	tcctaaacag	gggagcttgg	gttggtgttc	300
cttactggga	gtggactgct	cccatagacc	atctacctca	tttcatgtat	gatgcaacat	360
acttcaact	ccgacaacag	cggtagcacc	ctaaccttct	cttcagggga	aaggttactc	420

ttgaaaacgc	agtcacaaca	agggaccacc	aagccgggct	cttcaactca	gattatatgt	480
atgagaatgt	tttacttgca	ctggagcagg	aaaattattg	tgactttgaa	attcagtttg	540
agcttggtca	taacgcactt	cattccatgc	tgggaggtaa	agggcagtac	tccatgtcct	600
ccctggacta	ttctgcgttt	gatcccgctc	tcttcctaca	tcatgccaac	acggacagac	660
tgtagggcaat	ctggcaggaa	ctacaaagat	tccgagaact	gcctttatga	gaagcgaact	720
gtgcaatcaa	cctcatgcat	caaccaactga	agccgttcag	tgatccacat	gagaatcacg	780
acaatgtcac	tttgaataac	tcaaaaccac	aggacggatt	cgactaccag	aaccacttcg	840
gatacaagta	tgacaacctt	gagttccatc	acttatctat	cccaagtcct	gatgctaccc	900
tgaagcaaat	gagaaatcac	gacagagtgt	ttgcgggctt	ctctcttcac	aacataggaa	960
ctctctgtga	tacaactatc	tacatatgtc	tgccctgacg	acggcgtggc	aagctgctga	1020
gtcataggcg	gggaacattc	tatatcctcg	gaggcgaaac	agagatgcct	tttatctttg	1080
accgtttgta	taaatattgaa	atcaccaaac	cactgcaaca	gttaggagtc	aagctgcgat	1140
gtggagtttt	cgaactggag	cttgagatca	aggcatacaa	cggttcctat	ctggatcccc	1200
atacctttga	tccaactatc	atctttgaac	ctggaacag			1239

<210> 5

<211> 1260

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 5

ataccatcat	cttggaccac	gaccatgagg	aagagatact	tgtaggaag	aatataattg	60
atttgagccc	aagggagagg	gtttctctag	tcaaagcttt	gcaaagaatg	aagaatgac	120
gtcccgctga	tgggtaccac	gccattgcct	ctttccatgc	cctgccacca	ctctgtccca	180
atccatctgc	agtcacccgt	tatgcttgct	gtgtccatgc	catggctaca	tttcccagat	240
ggcacagact	gtacactggt	caggttcagg	atgccctgag	gagacatggt	tcacttgttg	300
gtattctcta	ctgggactgg	acaaaaccag	tcaacgagtt	acccgagttt	ctttcttcag	360
caacatttta	tcattccaatc	cggaaatatta	atatttcaaa	tccattcctc	ggggctgaca	420
tgaatattga	aggacggggc	gttcatacac	agaggcacat	aaactactgag	cgccgtgttc	480
acagtgggga	catgacggga	taccacaact	ggttcttcga	aactgtctct	tttgtttggg	540
aacaggaaag	tactctgcgt	tttgaataac	aatttgagat	agcccataat	ggcatccaca	600
ctggatttgg	tggaaagcga	gtatatggca	tgggacacct	tcactatgca	tcatatgtac	660
caatttttcta	catccaccat	tcacagacgg	acagaatatg	ggctatttgg	caagagctgc	720
agaagtacga	gggtcttatct	ggttcgggaag	caaaactgtgc	cattgaaact	atgagaacac	780
ccttgaagcc	tttcagcttt	gggccaccct	acaatttgaa	tatgcatcac	caagaatat	840
caaaagctga	ggacacggtt	gactataaga	agttttggta	cagatatgat	agtctggaa	900
tggagggggc	atcaattttc	cgcatgtgat	aactttatcca	cgagagacag	gagagaagca	960
gaacttttgc	agggttcctc	cttaaagggt	ttggtacatc	cgcatctgtg	tcattgcaag	1020
tttgagagtt	tgatcacacc	tgtaaagatg	cgggctattt	cactattctg	ggagagcatg	1080
ccgaaatgcc	atgggcattc	gacaggtctt	ataagtatga	ctctgacagac	ggagaatat	1140
acatgaacct	gaggcacgag	gacactttct	ctatagacgt	aactatcacg	tcttacaatg	1200
gaacagtagt	ctcgggagac	ctcattcaga	cgccctccat	tatatttgta	cctggacgcc	1260

<210> 6

<211> 1251

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 6

ataaaactcaa	ctcacggaaa	catacaccta	acagagtcgg	ccatgagcta	agtagcctta	60
tttcccgtga	catagcaagc	tgtgaaggcag	ctttgcacag	ccttcaacat	gataatggga	120
ctgatgggtta	tcaagctatt	gtgcctcttc	atggcgcttc	tccctcagtc	cacgagccat	180
ctggacgtga	gatcgccgtg	tgcatccacg	gcatggcgac	gtttcctcac	tggcaccggg	240
tgatcacctc	gcagttggag	caagcgctgc	gcagacacgg	gtccagtggt	gctgttccat	300
actgggactg	gaccaagcca	atcacggaac	tgccacacat	ctctgacagac	ggagaatat	360
atgacgtttg	gcaaaatgcc	gtcttgggca	atccggtttg	aagaggttat	gtgaaaatta	420
aagatgcatt	tacggtgaga	aatgtccagg	aaagtcgtgt	caaaatgtca	agttttggaa	480

agcactcgct	tctgtttgac	caggctttgt	tggctcttga	acaaactgac	tactgtgact	540
tcgaagtcca	gtttgaagt	atgcataaca	cgatccatta	tctcgtagga	gggcgtcaaa	600
cgtagccctt	ctcctctctc	gagtattcct	catacgatcc	aatcttcttt	attcaccact	660
cgttttgtga	caaaatatgg	gctgtatggc	aagaactgca	aagcaggaga	catctacagt	720
ttagaacagc	gtattgtgct	gtgggcctca	tgggtcaggc	aatgaggcct	ttcaaccagg	780
atttcaacca	caactcgctt	accaagaagc	acgcagtcct	taatacagta	tttgattatg	840
aagatcttgg	ctataactat	gacaaccttg	aaatcagttg	tttaacttta	aatgagatcg	900
aggcgtaaat	agcaaaacgc	aagtccacatg	ctagagtcct	tgctgggttc	ctgtgttttg	960
gattaggaac	ttcgggtgat	atacatctgg	aaatttgcga	gacatcggtg	aactgcccag	1020
atgctgggtg	gtatttctatc	cttggaggtt	ctgcagagat	cgatctggga	tccaaccgcc	1080
tctacaagta	tgacattaca	gaagcattgc	aggaatttga	catcaaccct	gaagatgttt	1140
tccatgctga	tgaaccattt	ttcctgaggg	tgctggttgt	tgctgtgaat	ggaactgtca	1200
ttccatcgct	tcattcttcac	cagccaacga	taatctatga	accaggcgaa	g	1251

<210> 7

<211> 1209

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 7

atcaccatga	cgaccatcag	tcgggaagca	tagcaggatc	cggggtccgc	aaggacgtga	60
acaccttgac	taaggctgag	accgacaacc	tgaggggaggc	gctgtggggg	gtcatggcag	120
accacgggtc	caatggcttt	caagctattg	ctgctttcca	tggaaaacca	gctttgtgtc	180
ccatgctctga	tggccacaac	tactcatggt	gtactcacgg	catggctacc	ttcccacact	240
ggcatcgctc	ctacaccaag	cagatggagg	atgcaatgag	ggcgcatggg	tctcatgtcg	300
gctctcccta	ctgggactgg	actgctgcct	tcacccacct	gccaacactg	gtcaccgcga	360
cggaacaaca	cccttccaa	catggacaca	ttgattatct	caatgtcagc	acaactcgat	420
ctccccgaga	catgctgttc	aacgaccccg	agcatggatc	agagtctgtc	ttctacagac	480
aagtctctct	agctctggaa	caaaactgatt	tctgcaaat	cgaagttcag	tttgagataa	540
ccacaatgc	catccatttc	tggacaggtg	gccacagccc	ctacggaaatg	tccactctcg	600
acttcaactgc	ctacgatcct	ctcttctggc	ttcaccactc	caacaccagc	agaatctggg	660
ctgtctggga	agctttgcaa	gaatacacag	gacttccata	caacactgcc	aattgtgaga	720
tccaggcaat	gaaaaacgcc	ctgaggcctt	tcagtgcaga	tatacaaccac	aaccacgtca	780
caaaaggctaa	cgcgaaagcca	ttagatgtgt	tcgagatata	tcgggttgagc	ttccagtacg	840
acaacctcat	cttccatgga	tacagtattc	cggaaacttga	tcgcgtgctt	gaagaaagaa	900
aggagaggga	cagaatattt	cgctgccttc	ttctcagttg	aatcaagcgt	agtgtcgtatg	960
tagtgttcga	ctatgtccag	gcgaacaacg	aatgtgtgtt	cgagggtgat	tttgcgattt	1020
tgggaggggga	gctagaaatg	ccctggtcct	tcgacagact	gttccgctat	gatataacca	1080
aggtgatgaa	gcagctacac	ctgaggcatg	actctgactt	taccttcagg	gtgaagattg	1140
tcggcaccca	cgaccacgag	cttctctcag	acagtgctaa	agcaccaact	attgaatttg	1200
aaccggggcg						1209

<210> 8

<211> 1535

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 8

tgcacagagg	cggaaccac	gaagatgaac	accatgatga	cagactcgga	gatgtcctga	60
tcaggaaaga	agttgacttc	ctctccctgc	aagaggccaa	cgcaattaag	gatgcactgt	120
acaagctcca	gaatgacgac	agtaaaaggg	gcttttagggc	catagctggc	tatcacgggt	180
atcctaattg	gtgtccagaa	agaggtacgc	acaagtatcc	ctgctgtgtc	ccaggaaatg	240
ccgtgttccc	ccactggcac	cgctctgcata	ccattcagat	ggagagagct	ctgaaaaacc	300
atggctctcc	aatgggcat	cccttactgg	attggacaaa	gaagatgtcg	agttctccat	360
cttcttttgg	agatttcagc	aacaacaacc	ctttctacaa	atattacatc	cggggctgtc	420
agcacgaaac	aaccaggggc	attaatcaga	gactctttaa	tcaaaccaag	tttggtgaat	480
ttgattacct	atattaccta	actctgcaag	tctctggagg	aaactcgta	tgtagactttg	540

aagttcagta	tgagatcctc	cataacgcgc	tccactcctg	gcttggagga	actggaaagt	600
atccatgtc	taccctggag	cattcggcct	ttgaccctgt	cttcagatt	caccactcga	660
gtttggatga	aatctggatc	ctttggcaga	agttgcaaaa	gataagaatg	aagccttact	720
acgcattgga	ttgtgtcggc	gacagactta	tgaagagacc	cctgcacccc	ttcaactacg	780
aaacgcttaa	tgaagatgaa	ttcaccgcga	tcaactcttt	cccaagcata	ctgtttgacc	840
actacaggtt	caactatgaa	tacgataaca	tgagaatcag	gggtcaggac	atacatgaac	900
ttgaagaggt	aattcaggaa	ttaagaaaaca	aagatcgcat	atttgcctgt	tttgttttgt	960
cgggcttacg	gatatcagct	acagtgaag	tattcattca	ttcgaaaaac	gatacaagtc	1020
acgaagaata	tgcaggagaa	tttgacgttt	tgggaggtga	gaaggagatg	ccgtgggcat	1080
atgaaagaat	gctgaaattg	gacatctccg	atgctgtaca	caagctctcac	gtgaaagatg	1140
aagacatccg	ttttagagtg	gttgttactg	cttacaacgg	tgacgttggt	accaccaggc	1200
tgtctcagcc	attcatcgtc	caccgtccag	cccatgtggc	tcacgacatc	ttggttaatcc	1260
cagtagggtc	gggccatgac	cttcgcgccta	aagtcgtagt	aaagagcggc	accaaagtgc	1320
agttttacac	aatagattcg	tcgggtgaaca	aagcaatggt	ggagctgggg	agctatactg	1380
ctatggctaa	tgcatacgtt	ccccctttct	cttaccacgg	ctttgaactg	gacaaagctc	1440
acagcgtcga	tcacggagac	tactacattg	ctgcagggtac	ccacgcgttg	tgtgagcaga	1500
acctcagcgt	ccacatccac	gtggaacacg	agtag			1535

<210> 9

<211> 1003

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 9

cacagactgt	tcgtcaccca	ggtggaagat	gctctgatca	ggcgaggatc	gcctataggg	60
tgcacctact	gggactggac	tcagcctatg	gcgcatctcc	caggacttgc	agacaacgcc	120
acctatagag	atcccatcag	cggggacacg	agacacaacc	ccttccacga	tgttgaagtt	180
gcctttgaaa	atggacgtac	agaacgtcac	ccagatagta	gattgtttga	acaaccttta	240
tttggcaaac	atacgcgtct	cttcgacagt	atagtctatg	cttttgagca	ggaggacttc	300
tgcgattttg	aagttcaatt	tgagatgacc	cataataata	ttcacgcctg	gattgggtgc	360
ggcgagaagt	atccatgttc	ttctctacac	tacacagcct	tcgaccctat	cttctacctt	420
cgctactcca	acactgaccg	gctctgggca	atttggcaag	cgttgacgat	acgaagaaac	480
aggccttaca	aggctcattg	tgccttggtct	gaggaacgcc	agcctctcaa	acctttcgcc	540
ttcagttccc	cactgaacaa	caacgaaaaa	acctacgaaa	actcggtgcc	caccaacggt	600
tacgactacg	aaggagtcct	tggctatact	tatgatgacc	tcaacttcgg	gggcatggac	660
ctcggttcag	tttgaggaata	catccagagg	cagagacaga	gagacaggac	ctttgtcgtg	720
ttctttctgc	cacatatgtg	tacatcagcg	aatggtgaaa	tcatatatga	ccatgggact	780
cttcatacct	ccgtgggcac	gtttgtcgtt	cttggcggag	agaaggagat	gaaatgggga	840
tttgaccgtt	tgtacaaaata	tgagattaca	gatgaactga	ggcaacttaa	tctccgtgct	900
gatgatgttt	tcagcatctc	tgtttaaagta	actgatgttg	atggcagtg	gactacccct	960
gaactcatcc	catctgctgc	tatcatcttc	gaacgaagcc	ata		1003

<210> 10

<211> 1251

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 10

ttgaccatca	ggaccgcgat	catgacacaa	tcattaggaa	aaatgttgat	aatcttacac	60
ccgaggaaat	taattctctg	aggcgggcaa	tgccagacct	tcaatcagac	aaaaccggcg	120
gtggattcca	gcaaatgtct	gcttttcacg	gggaagccaa	atggtggccc	agtcctcgatg	180
ctgagaagaa	gttctcctgc	tgtgtccatg	gaatgctgtg	cttccctcac	tgccacagac	240
tcctgaccgt	gcaaggcgag	aatgccctga	gaaagcatgg	atgtctcggg	gtctctcccc	300
actgggagct	gactcggccc	ctgtctcacc	tacctgattt	ggttttggta	agtagcagaa	360
ctacaccgat	gccatattcc	accgtgggaag	ccggaacccc	ctggttacag	ggccatattg	420
atacagttgg	tgttgacaca	acaagaagcg	tcctgtcaaga	actgtatgaa	gtctcctggat	480
ttggccatta	tactggggtc	gctaagcaag	tgctcttcgg	tttggagcag	gatgacttct	540

gtgattttga	agtcacagttt	gagatagctc	acaatttcat	tcacgctctt	gtcggcgga	600
gcgagccata	tggtatggcg	tcactccgtt	acactactta	tgatccaatt	ttctacctcc	660
atcattctaa	cactgcagaga	ctctgggcta	tatggcaggc	tctacaaaag	tacaggggcg	720
aaccttacaa	ttccggccaac	tgcgccattg	cttctatgag	aaaaccccta	caacccttgg	780
gtctgactga	tgagatcaac	ccggatgatg	agacaagaca	cgactgtgtt	cttttcagtg	840
tcctttgatta	caagaacaac	ttcaattatg	aatatgcac	ccttgacttc	aacggactat	900
caatctccca	gctggaccgt	gaactgtcac	ggagaaagtc	tcattgcaga	gtatttgcg	960
gatttttgc	gcattgtatt	cagcagctcg	cactagttaa	attctttgtc	tgcaaatcag	1020
atgatgactg	tgaccactat	gctgggtgaat	tctacatcct	gggtgatgaa	gctgaaatgc	1080
catggggcta	tgatcgctct	tcaaaatgat	agatcactga	cgcctgcaat	gccttgatc	1140
tacacatcgg	agatagattc	ttcatcagat	acgaagcgtt	tgatcttc	ggtacaagtc	1200
ttggaagcaa	catcttcccc	aaaccttctg	tcatacatga	cgaaggggca	g	1251

<210> 11

<211> 1244

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 11

gtcaccatca	ggctgacgag	tacgacgaag	ttgtaactgc	tgcaagccac	atcagaaaga	60
atttaaaaga	tctgtcaaa	ggagaagtag	agagcctaag	gtctgccttc	ctgcaacttc	120
agaaacgacg	agtcctatgag	aatattgcca	agttccacgg	caagcctggg	ttgtgtgatg	180
ataacggctc	caaggttgcc	tggtgtgtcc	atggaatgcc	caccttcccc	cagtgggaca	240
ggctctatgt	cttccagggt	gagaatgctt	tgctggagag	aggatctcgc	gtctctgtgc	300
catactggga	ctggactgaa	acattttacag	agctgccatc	tttgatttgt	gaggctacct	360
tttcaaatc	ccgtcaacaa	acgtttgacc	ctaactcctt	cttcagaggt	aaaatcagtt	420
ttgagaatgc	tgttacaaca	cgctgacccc	agcctgagct	gtacgttaac	aggtactact	480
accaaaacgt	catgttggtt	tttgaacagg	acaactactg	cgacttcgag	atacagttgt	540
agatggttca	caatgttttc	catgcttgcc	ttggtggaag	agctacttat	tctattttct	600
tccttgattta	ttctgcaatc	gacctgtgtg	ttttccttca	ccatgcgaac	acagatagat	660
tggtgggcca	ctggcaggag	ctgcagaggt	acaggaagaa	gccatacaat	gaagcggatt	720
gtgccattaa	cctaagtgcg	aaacctctac	atcccttcga	caacagtgt	cttcaatcat	780
atcctgtaac	ctttaaatac	tcaaaaccca	ctgatggctt	tgactaccag	aacaactttg	840
gatacaagta	tgacaacctt	gagttcaatc	atttcagtat	tcccaggcgt	gaagaaatca	900
ttcgtattag	acaacgtcaa	gtcgtgtgtg	ttgcaggatt	cctccttcac	aacattggga	960
catccgcaac	gtttgagata	gtctctctgt	tccctaccac	cagcgggtgag	caaaatagtg	1020
aaaaacacac	cggaaacatt	gccgtactcg	gaggagaaac	agagatggcg	tttcatattg	1080
acagactcta	caggtttgac	atcagtgaaa	cactgagggg	cctcggcata	cagctggaca	1140
gccatgactt	tgacctcagc	atcaagattc	aaggagtaaa	tggaacctac	cttgatccac	1200
acatcctgcc	agagccatcc	ttgatttttg	tgccctggctc	aagt		1244

<210> 12

<211> 1255

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 12

tctttcctgc	gtcctgatgg	gcattcagat	gacatccttg	tgagaaaaa	agtgaacagc	60
ctgacaacca	gggagactgc	atctctgatc	catgctctga	aaagtatgca	ggaagaccat	120
tcacctgcag	ggttccaaag	catctgctct	ttccatgctc	tgccaccact	ctgcccttca	180
ccatctgcag	ctcaccgcta	tgctttgtgt	gtccaccgca	tgactacatt	tcgccagtag	240
cacagattgt	acactgtaca	gttccaggat	gcactgagga	tgactggagc	tacggtaggt	300
gtaccgtatt	gggattggct	gcgacccgag	tctcacctac	cagagcttgt	caccatggag	360
acataccatg	atatttggag	taacagagat	ttccccaatc	ctttctacca	agccaatatt	420
gagttttga	gagaaaaacat	tacaacagag	agagaaagtc	tttcagacaa	actttttgtc	480
aaaggtggac	acgtttttga	taaaactggt	cttcaaaacaa	gccatcctag	cgtgtagcag	540
gaaaactact	gtgactttga	gattcagttt	gaaattcttc	acaacggcgt	tcacacgtgg	600

gtcggaggca	gtcgtaccta	ctctatcgga	catcttcatt	acgcattcta	cgacctctt	660
ttctaccctc	accattttcca	gacagaccgt	atttgggcaa	tctggcaaaga	actccaggaa	720
cagagagggc	tctcgggtga	tgaggctcac	tgtgctctcg	agcaaatgag	agaaccattg	780
aagcctttca	gcttcggcgc	tccttataac	tggaaatcagc	tcacacagga	tttctcccca	840
cccgaggaca	ctctcgacta	caggaagttt	ggttatgaat	atgacaattt	agaatttctg	900
ggaatgtcag	ttgctgaact	ggatcaatac	attattgaac	atcaagaaaa	tgatagagta	960
ttcgctgggt	tctctgttag	tggattcgga	ggttcgcgat	cagttaat	ccaggtttgt	1020
agagctgatt	ccacatgtca	ggaatgctgg	tacttcaccg	ttcttggtgg	cagtgtctgag	1080
atggcgtggg	catcttgacag	gctttacaaa	tatgacatta	ctgaaactct	ggagaaaatg	1140
cacctcgat	atgatgatga	cttcacaatc	tctgtcagtc	atgacgccaa	cagaggaact	1200
gtcctgagca	gcagttctaat	cccaacaccg	agtgatcata	tccagcgggg	acatc	1255

<210> 13

<211> 1248

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 13

gtgacataaa	taccaggagc	atgtcaccca	accgtgttgc	ccgtgagctg	agcgatctgt	60
ctcggaggga	cctgtctagt	ctcaagctcg	ctctgcgaga	cctacaggag	gatgatggcc	120
ccaacgggata	ccaggctctt	gcagccttcc	atgggctacc	agcaggctgc	catgatagcc	180
ggggaaatga	gatcgcatgt	tgcatccag	ggatgccgac	cttccccag	tggcacagac	240
tgtacaccct	gcagttggag	atggctctga	ggagacatgg	atcatctgtc	gccatccctc	300
actgggagct	gacaaaacct	atctccgaac	tccccctcgt	cttcaccagc	cttgagtatt	360
atgacccatg	gcatgtgctg	gtggtaaaaca	accattcttc	caaaggtttt	gtcaaatgtg	420
caaatacctt	cacagtaaga	gaccacacag	agatgctgtt	ccagctttgt	gaacatggag	480
agtcaatcct	ctatgagcaa	actcttcttg	ctcttgagca	aaccgactac	tgtgttttg	540
aggtagagtt	tgagggtctc	cataacgtga	tccactacct	tgttgggtga	cgtcagacct	600
acgcgattgc	tctctgcat	tatgctctct	acgacccatt	cttctttata	caccattctc	660
tttgtgataa	gatgtgggta	gtatggcagg	ctcttcaaaa	gaggaggaaa	cttccataca	720
agcgagctga	ctgtgctgtc	aacctaatag	ctaaaccaat	gaggccattt	gactccgata	780
tgaatcagaa	cccattcaca	aagatgcacg	cagttcccaa	cacactctat	gactacgaga	840
cactgtacta	cagctacgat	aatctcgaaa	taggtggcag	gaatctcgac	cagcttcagg	900
ctgaaattga	cagaagcaga	agccacgac	gcgtttttgc	tggattcttg	cttcgtggaa	960
tcggaacttc	tgctgatgtc	aggttttgga	tttgtagaaa	tgaaaatgac	tgccacaggg	1020
gtggaataat	tttcatctta	ggtggagcca	aggaaatgcc	atggctcatt	gacagaaaat	1080
tggaatttga	tattcaccat	gtactcgaga	atgctggcat	tagccacagc	cagctgtgtg	1140
atgctgagga	gccattttat	atcaaggttg	agatccatgc	tgttaacaag	accatgatac	1200
cgtcgtctgt	gatccagacc	ccaactatca	tctattctcc	tggggaag		1248

<210> 14

<211> 1207

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 14

gtcgcgtcgc	tgacagtgcg	cactctgcga	acattgctgg	ctctgggggtg	aggaaggacg	60
tcacgacctc	cactgtgtct	gagaccggaga	acctaagaca	ggctcttcaa	ggtgtcatcg	120
atgatactgt	tccaatgggt	taccaagcaa	tagcatcctt	ccacggaaat	cctccaatgt	180
gcgagatgaa	cgcccgcaag	gttgctctgt	gtgctcacgg	tatggctctc	ttccccact	240
ggcacagact	gtatgtgaa	cagatggaa	atgcctctgg	tgaccacggg	tcacatatcg	300
gcactccctt	ctgggactgg	acaaactgcct	tcacagagtt	acccgcctct	gtcacagact	360
cccgaaacaa	tcccttccat	gagggtcgca	ttgatcatct	cggtgttaac	acgtcacgtt	420
ccccagaga	catgctgttt	aacgaccag	agcaaggatc	agagtctgtc	ttctatagac	480
aagtctctct	ggctttggag	cagactgact	actgcccagt	agaggtccag	tttgagctga	540
cccacaacgc	cattcacctc	tggaagagtg	gacgtagccc	ttacgggaat	tcgacccctg	600
agttcacagc	ctacgatctct	ctcttctggc	ttcaccactc	caacacggac	agaattctgg	660

ctgtctggca	agcactgcag	aaataccgag	gactcccata	caacgaagca	cactgtgaaa	720
tccaggttct	gaaacagccc	ttgaggccat	tcaacgatga	catcaaccac	aattccaatca	780
ccaagactaa	tgccaggcct	atcgattcat	ttgattatga	gaggtttaac	tatcagtatg	840
acacccttga	cttccattgt	aagagcatcc	ctgaactgaa	tgacctgtct	gaggaaagaa	900
aaagagaaga	gagaacattt	gctgccttcc	ttcttcgtgg	aatcgggttg	agtgtctgatg	960
tcgtctttga	catctgcccg	cccaaatggtg	actgtgtctt	tgacggaacc	ttgtctgtgc	1020
tgaggaggga	gctagaaatg	ccttggtcct	tcgacagact	gttcgcgtat	gacatcacca	1080
gagtcagtga	tcagctccat	ctccagtatg	attcagattt	cagtttcagg	gtgaagcttg	1140
ttgcccacaa	tggaactgag	ctttcatcag	accttctcaa	gtcaccaaca	attgaacatg	1200
aacttgg						1207

<210> 15

<211> 1546

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 15

agccccacga	ggaccagtgg	aagaaaacaga	agtcactcgc	caacatactg	acggcaatgc	60
acactttcat	cgtaaggag	ttgattcgct	gtccctggat	gaagcaaaaa	actgaagaa	120
tgccctttac	aagctacaga	acgaccacag	tctaaccggga	tacgaagcaa	ttcttggtta	180
ccatggatac	cccaattctg	gtccgggaaga	aggcgatgac	aaaataacc	tgctgcgtcc	240
ccggatgggc	atctttcctt	actggcacag	actcttgacc	attcaactgg	aaagagctct	300
tgagcacaat	ggtgcactgc	ttgggtgtcc	ttactgggac	tggaacaagg	acctgtcgtc	360
actgcccggg	ttcttctccg	actccagcaa	caacaatccc	tacttcaagt	accacatcgc	420
cggtgtgtgt	cacgacaccc	tcagagagcc	actatgtctt	atatataaac	agccccaat	480
ccatgtgtat	gattatctct	attacctagc	attgaccacg	cttgaaagaa	acaattactg	540
ggacttttgg	gttcagtatg	agatcctcca	caacgcgcgc	cactcctgtg	ttggaggatc	600
ccagaagtat	tcctatgtcta	ccctggagta	ttcggccttt	gacctgtct	ttatgatctc	660
tcactcgggt	ctagacagac	ttgggatcat	ctggcaagaa	cttcagaaga	tcaggagaaa	720
gcccatacaac	tgctctaaat	ttgatgtatca	tatgatggaa	gagccactgg	cgcccttcag	780
ctatccatct	atcaaccagg	acgagttcac	ccgtgccaac	tcgaagcctt	ctacagtttt	840
tgacagacct	aagtctcggt	accattacga	taacctgaat	gttagaggtc	acagcatcca	900
agaactcaac	acaatcatca	atgacttgag	aaacacagac	agaatctacg	caggatttgg	960
tttgtcaggc	atcggtagct	ctgctagtgt	caagatctat	ctccgaacag	atgacaatga	1020
cgaagaagtt	ggaactttca	ctgtcctggg	aggagagagg	gaaatgccat	gggccttacga	1080
gcgagttttc	aagtatgaca	tcacagaggt	tgacagatga	cttaaaatata	agttatgggg	1140
acacccttta	acttccggaa	ctggagatca	catccttagc	gttgaactcg	gttgtaaaaa	1200
agagccttacc	aaaatccctt	catcatctac	agacctgcca	atcatgacta	cagatgttct	1260
gttatcccgag	tanggaagaa	acctccacat	ccctcccaaa	gttgtcgtca	agaaaggac	1320
ccgatccgag	ttccaccagg	tcgatgatcc	agtttacgaa	ccagttgttg	atcttgggaag	1380
ctacactgca	ctcttcaact	gtgtgttacc	accgtttaca	taccacggat	tcgaactgaa	1440
ccagctctat	ctgtccaagc	ctggtgacta	ctatgttact	ggaccacaga	gagaccttgg	1500
ccagaatgca	gatgtcagga	ttcatatcca	gttggaggat	gagtaa		1546

<210> 16

<211> 967

<212> DNA

<213> *Megathura crenulata*

<400> 16

ggcctaccgt	actgggactg	gactgaaccc	atgacacaca	ttccgggtct	ggcaggaaac	60
aaaacttatg	tggattctca	tggtgcattc	cacacaaatc	cttttcatag	ttcagtgtat	120
gcattttgaag	aaaattctcc	ccacacaaaa	agacaaatag	atcaaaagat	ctttaaaccc	180
gctactctttg	gacaccacac	agacctgttc	aaccagattt	tgatgtcctt	tgaacaaaga	240
gattactgtg	actttgaagt	ccaatttgag	attaccacata	acacgattca	cgcttggaca	300
ggaggaagcg	aacattttct	aatgtcgtcc	ctacattaca	cagcttttga	tcctttgttt	360
tactttcacc	attctaacgt	tgatcgtctt	tgggcccgttt	ggcaagcctt	acagatgaga	420

```

cggcataaac cctacagggc ccactgcggc atatctctgg aacatatgca tctgaaacca 480
ttcgctcttt catctcccct taacaataac gaaaagactc atgccaatgc catgccaac 540
aagatctacg actatgaaaa tgtcctccat tacacatacg aagatttaac atttggaggc 600
atctctcttg aaaaactaga aaagatgata cagcaaaacc agcaagaaga cagaatata 660
gcgggttttc tccgtgttcg catactact tcagcaaatg ttgatatctt catataaact 720
accgattccg tgcaacataa ggctggaaca tttgcagttg tcggtggaag caagaaaact 780
aagtggggat ttgatcgcgt ttcaaagttt gacatcacgc acgttttgaa agatctcgat 840
ctcactgctg atggcgattt cgaagttaac gttgacatca ctgaagtcga tggaaactaaa 900
cttgcattca gtcctattcc acatgcttct gtcattcgtg agcatgcacg tggtaagctg 960
aatagag

```

<210> 17

<211> 1242

<212> DNA

<213> *Megathura crenulata*

<400> 17

```

ttaaatttga caaagtgcc aaggagtcgtc ttattcgaaa aaatgtagac cgtttgagcc 60
ccgaggagat gaatgaactt cgtaaaagccc tagccttact gaagaggagc aagattgccc 120
gtggatttca gcagcttggtt gcattccatg gggagccaaa attggtgtcct aagcccgaag 180
catctaaaaa atttgcctgc tgtgttcacg gcatgtctgt gttccctcac tggcatcgac 240
tgttgacggt tcagagtga aatgctttga gacgacatgg ctacgatgga gctttgccgt 300
actgggattg gacctctcct cttaatcacc ttcccgaact ggcagatcat gagaagtagc 360
tcgaccttgc agatggggta gagaagcata acccttggtt cgatgggtcat atagatacac 420
tcgacaaaac aacaacaaga agtggttcaga ataaactctt cgaacagcct gagtttggtc 480
attatacaag cattgccaaa caagtagctg tagcgttgga acaggacaat tctgttgact 540
ttgaaattca atatgagatt gcccataact acatccatgc actttagtga ggcgtcagc 600
cttatggtat ggcacgtctt cgctacactg cttttgatcc actattctac ttgcatcact 660
ctaatacaga tcgtatatgg gcaatatggc aggctttaca gaagtacaga ggaataacgt 720
acaacgttgc taactgtgct gtatcatcga tgagagaacc ttgcaacca tttgacctct 780
ctgccaatat caacacagac catgttaacca aggagcattc agtgccattc aacgttttgc 840
attacaagat caatttcaat tatgaatatg acactttgga actttaacggt ctctcaactc 900
ctcagttgaa taaaaagctc gaagcgataa agagccaaga caggttcttt gcaggcttcc 960
tggttatctgg tttcaagaaa tcattctctt ttaaattcaa tatttgcacc gatagcagca 1020
actgtcacc cgtctggagag ttttacctc tgggtgatga aaacgagatg ccatgggcag 1080
acgatagagt cttcaaatat gacataaccg aaaaactcca cgatctaaag ctgcatcgag 1140
aagaccactt ctacattgac tatgaagtat ttgaccttaa accagcaagc ctgggaaaaa 1200
attgtttcaa gcagccttca gtcattcatg aaccaagaat ag

```

<210> 18

<211> 1236

<212> DNA

<213> *Megathura crenulata*

<400> 18

```

gtcaccatga aggcgaagta tatcaagctg aagtaacttc tgccaaccgt attcgaaaaa 60
acattgaaaa tctgagcctt ggtgaactcg aaagtctgag agctgccttc ctggaatttg 120
aaaacgatgt aacttacgaa tcaatagcta aattccatgg tagccctgtt ttgtgccagt 180
taaatggtaa ccccatctct ttgtgtgtcc atggcatgcc aacttccct catggcaga 240
gactgtactg ggttgtcgtt gagaatgccc tctgaaaaa aggatcatct gtagctgttc 300
cctattggga ctggacaaca cgaatcgaa atttacctca cctgatgga cagccactct 360
actacaattc caggcaacat cactatgaga caaacccatt catcatgga aaaaacacac 420
acgagaatga aatcactact agggatccca aggaacgcct cttccattca gactactttt 480
acgagcaggt cctttacgac ttggagcagg ataaactctg tgatttcgag attcagttgg 540
agatattaca caatgcattg cattctttac ttggtggcaa aggttaaatat tccatgtcaa 600
accttgata cgtctgtttt gatcctgtgt tcttcttca tcacgcaacg actgcagaa 660
tctgggcaat ctggcaagac cttcagaggt tccgaaaaac gccatccaga gaagcgaatt 720

```

10

```

gcgctatcca attgatgcac acgccactcc agccgtttga taagagcgac aacaatgacg 780
aggcaacgaa aacgcattgc actccacatg atggttttga atatcaaaac agcctttggtt 840
atgcttacga taatctggaa ctgaatcact actcgattcc tcagcttgat cacatgctgc 900
aagaagaaaa aaggcatgac agagtattcg ctggcttctc ccttcacaat atttgaacat 960
ctgccgatgg ccattgtatt gtatgtctcc caactgggga acacacgaag gactgcagtc 1020
atgaggctgg tatgtctccc atcttaggag gtcaaacgga gatgtccttt gtatttgaca 1080
gactttacaa acttgacata actaaagcct tgaaaaagaa cggtgtgcac ctgcaagggg 1140
atttcgatct ggaatttgag attacggctg tgaatggatc tcatttagac agtcatgtca 1200
tccactctcc cactatactg tttagaggcg gaacag 1236

```

<210> 19

<211> 241

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 19

```

attctgcccc cacagatgat ggacacactg aaccagtgat gattcgcaaa gatattcacac 60
aattggacaa gcgtcaacaa ctgtcactgg tgaagccctc cgagtccatg aaagccgacc 120
attcatctga tgggttccag gcaatcgctt ccttccatgc tcttctcctt ctttgtccat 180
caccagctgc ttcaaaaggg ttgctgtgct gcgtccatgg catgccaact tccccgaat 240
g 241

```

<210> 20

<211> 949

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 20

```

ggcctgcctt actgggattg gaccatgcca atgagtcatt tgccagaact ggctacaagt 60
gagacctacc tcgatccagt tactggggaa actaaaaaca accctttcca tcacgcccac 120
gtggcgcttt aaaaagggtg aacaagcagg aatcctgatg ccaaaactttt tatgaaacca 180
acttacggag accacactta cctcttcgac agcatgatct acgaacttgg gcagggaagac 240
ttctgcgcat ttgaagtcca atatgagctc acgcataatg caatacatg atgggtttgga 300
ggcagtgaaa agtattcaat gtcttctctt cactacactg cttttgatcc tatattttac 360
ctccatcact caaatgttga tcgtctctgg gccatttggc aagctcttca aatcaggaga 420
ggcaagtctt acaaggccca ctgcgcctcg tctcaagaaa gagaaccatt aaagcctttt 480
gcattcagtt cccactgaa caacaacgag aaaaactgac acaactctgt cccactaac 540
gtttatgcat atgtgggagt ttgacactat cgatatgatg accttcagtt tggcggtgatg 600
accatgtcag aacttgagga atatttcac aagcagacac aacatgatag aacctttgca 660
ggattcttcc ttcatatat tggaaacatc gcaagcgtag atattctcat caatcgagaa 720
ggtcatgata aatacaaaagt ggggaagttt gtatgacttg gtggatccaa agaaatgaaa 780
tggggctttg atagaatgta caagtatgag atcactgagg ctctgaagac gctgaatgtt 840
gcagtggatg atgggttcag cattactgtt gagatcacgc atgttgatgg atctccccc 900
tctgcagatc tcattccacc tctgtctata atcttgaac gtggctcatg 949

```

<210> 21

<211> 760

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 21

```

ctgatgccaa agactttggc catagcagaa aaatcaggaa agccgttgat tctctgacag 60
tcgaagaaa aacttcgttg aggcgagcta tggcagatct acaggacgac aaaacatcag 120
ggggtttcca gcagattgca gcattccacg gagaaccaa atggtgtcca agccccgaag 180
cggagaaaa atttgcattg tgtgttcacg gaatggctgt tttccctcac tggcacagat 240
tgctgcagtg tcaaggagaa atatgctcta ggaacatgag cttacttggt ggcagtcctt 300

```

```

actgggactg gactcgatca atgagcgccc tccacattt tgttgctgat cctacttaca 360
atgatgctat ttccagccag gaagaagata acccatggca tcatggctcac atagactctg 420
ttgggcata tactacaaga gatgtgcgtg atgatcttta tcaatctcct ggtttcgtg 480
actcacaga tattgcacaa caagtccttc tggccttga gcaggacagt ttctgtgatt 540
ttgaggtaac atttgaaatt gccataaatt tcatacatgc actgatgtgt ggtaacgaac 600
catacagtat gtcattcttg aggtatacta catacgatcc aatcttcttc ttgcaccact 660
ccagtacaga ccgacttttg gccatctggc aagcaatcac tagtgcgggc gctgcagggt 720
cgaccataag ggagagctcc caacgcgttg gatgcaatct 760

```

<210> 22

<211> 323

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 22

```

gttcacacca ggctgatgaa tatcgtgagg cagtaacaag cgctagccac ataagaaaaa 60
atattccggga cctctcagag ggagaaattg agagcatcag atctgcttcc ccccaaatcc 120
aaaaagaggg tatatatgaa aacattgcaa agttccatgg aaaaccagga cttttgtgaac 180
atgatggaca tctctgttgc ttgtgtgtcc atggcatgcc cacctttccc cactggcaca 240
gactgtcaggt tcttcagggt gagaatgcgc tcttagaacg agggctctgc gttgtgttcc 300
cttactggga ctggacccta cct 323

```

<210> 23

<211> 988

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 23

```

atggctgtgt ttccgcactg gcacagactg tttgtgaaac agatggagga cgcacttgct 60
gtccatggag ctcatattgg cataccatac tgggattgga caagtgcgtt tagtcatctg 120
cccgcctag ttactgacca cgagaacaat cccttccacc acggccatatt tggatcatctg 180
aatgtggata catctcgatc tccaagagac atgtctgtta atgatcctga caaaggctca 240
gaatcattct tctacagaca ggttctcttg actctagaac agacagactt ctgccaattt 300
gaagttcagt ttgaacttac acacaatgcc atccactctt ggactggagg acatactcca 360
tatggaatgt catcactgga atatacagca tatgatccac tcttttatct ccaccattcc 420
aacactgatc gtatctgggc catctggcag gcaactccaga aatatagagg tcttccatac 480
aacgcagctc actgcgatat ccaagttctg aaacaacctc ttaaacctat cagcgagtcc 540
aggaattcaa acccagtcac cagagccaat tctagggccg ttgatattct tgattatgag 600
aaattcaatt atcaatatga cacacttacc ttccacggac tttctatccc agaacttgat 660
gccatgcttc aagagagaaa gaaggaagag agaacatttg cagccttctc gttgcacgga 720
tttggcgcca gtctgatgt ttctgttgat gtctgcacac ctgatgtgta ttgtgccttt 780
gctggaacct tcgcgtact tgggtgggag cttgagatgc cctggtcctt tgaaaagattg 840
ttccgtttac atatcacaaa ggttctcaag cagatgaatc ttcactatga ttctgagttc 900
cactttgagt tgaagattgt tggcacagat ggaacagaaac tgccatcgga tcgtatcaag 960
agccctacca ttgaacacca tggaggag 988

```

<210> 24

<211> 310

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 24

```

gtcacgatca cagtgaacgt cacgatggat ttttcaggaa ggaagtcgggt tccctgtccc 60
tgatgaagc caatgacctt aaaaatgcac tgtacaagct gcagaatgat cagggtccca 120
atggatatga atcaatagcc ggttaccatg gctatccatt cctctgccct gaacatggtg 180
aagaccagta cgcagtctgt gtccacggaa tgctgtatc tccacattgg cacagacttc 240
atacaatcca gtttgagaga gctctcaaa aacatggttc tcatttgggt ctgcatact 300

```


gggactggac

<210> 25

<211> 422

<212> PRT

<213> Haliotis tuberculata

<220>

<221> SIGNAL

<222> (1)..(15)

<400> 25

Leu Val Gln Phe Leu Leu Val Ala Leu Val Ala Gly Ala Gly Ala Asp
 1 5 10 15

Asn Val Val Arg Lys Asp Val Ser His Leu Thr Asp Asp Glu Val Gln
 20 25 30

Ala Leu His Gly Ala Leu His Asp Val Thr Ala Ser Thr Gly Pro Leu
 35 40 45

Ser Phe Glu Asp Ile Thr Ser Tyr His Ala Ala Pro Ala Ser Cys Asp
 50 55 60

Tyr Lys Gly Arg Lys Ile Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Ser Phe
 65 70 75 80

Pro Phe Trp His Arg Ala Tyr Val Val Gln Ala Glu Arg Ala Leu Leu
 85 90 95

Ser Lys Arg Lys Thr Val Gly Met Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Gln Thr
 100 105 110

Leu Thr His Leu Pro Ser Leu Val Thr Glu Pro Ile Tyr Ile Asp Ser
 115 120 125

Lys Gly Gly Lys Ala Gln Thr Asn Tyr Trp Tyr Arg Gly Glu Ile Ala
 130 135 140

Phe Ile Asn Lys Lys Thr Ala Arg Ala Val Asp Asp Arg Leu Phe Glu
 145 150 155 160

Lys Val Glu Pro Gly His Tyr Thr His Leu Met Glu Thr Val Leu Asp
 165 170 175

Ala Leu Glu Gln Asp Glu Phe Cys Lys Phe Glu Ile Gln Phe Glu Leu
 180 185 190

Ala His Asn Ala Ile His Tyr Leu Val Gly Gly Lys Phe Glu Tyr Ser
 195 200 205

Met Ser Asn Leu Glu Tyr Thr Ser Tyr Asp Pro Ile Phe Phe Leu His
 210 215 220

His Ser Asn Val Asp Arg Leu Phe Ala Ile Trp Gln Arg Leu Gln Glu
 225 230 235 240

13

Leu Arg Gly Lys Asn Pro Asn Ala Met Asp Cys Ala His Glu Leu Ala
 245 250 255
 His Gln Gln Leu Gln Pro Phe Asn Arg Asp Ser Asn Pro Val Gln Leu
 260 265 270
 Thr Lys Asp His Ser Thr Pro Ala Asp Leu Phe Asp Tyr Lys Gln Leu
 275 280 285
 Gly Tyr Ser Tyr Asp Ser Leu Asn Leu Asn Gly Met Thr Pro Glu Gln
 290 295 300
 Leu Lys Thr Glu Leu Asp Glu Arg His Ser Lys Glu Arg Ala Phe Ala
 305 310 315 320
 Ser Phe Arg Leu Ser Gly Phe Gly Gly Ser Ala Asn Val Val Val Tyr
 325 330 335
 Ala Cys Val Pro Asp Asp Asp Pro Arg Ser Asp Asp Tyr Cys Glu Lys
 340 345 350
 Ala Gly Asp Phe Phe Ile Leu Gly Gly Gln Ser Glu Met Pro Trp Arg
 355 360 365
 Phe Tyr Arg Pro Phe Phe Tyr Asp Val Thr Glu Ala Val His His Leu
 370 375 380
 Gly Val Pro Leu Ser Gly His Tyr Tyr Val Lys Thr Glu Leu Phe Ser
 385 390 395 400
 Val Asn Gly Thr Ala Leu Ser Pro Asp Leu Leu Pro Gln Pro Thr Val
 405 410 415
 Ala Tyr Arg Pro Gly Lys
 420
 <210> 26
 <211> 419
 <212> PRT
 <213> *Haliotis tuberculata*
 <400> 26
 Gly His Leu Asp Pro Pro Val His His Arg His Asp Asp Asp Leu Ile
 1 5 10 15
 Val Arg Lys Asn Ile Asp His Leu Thr Arg Glu Glu Glu Tyr Glu Leu
 20 25 30
 Arg Met Ala Leu Glu Arg Phe Gln Ala Asp Thr Ser Val Asp Gly Tyr
 35 40 45
 Gln Ala Thr Val Glu Tyr His Gly Leu Pro Ala Arg Cys Pro Arg Pro
 50 55 60
 Asp Ala Lys Val Arg Phe Ala Cys Cys Met His Gly Met Ala Ser Phe
 65 70 75 80

Pro	His	Trp	His	Arg	Leu	Phe	Val	Thr	Gln	Val	Glu	Asp	Ala	Leu	Val
				85						90				95	
Arg	Arg	Gly	Ser	Pro	Ile	Gly	Val	Pro	Tyr	Trp	Asp	Trp	Thr	Lys	Pro
		100						105					110		
Met	Thr	His	Leu	Pro	Asp	Leu	Ala	Ser	Asn	Glu	Thr	Tyr	Val	Asp	Pro
		115					120					125			
Tyr	Gly	His	Thr	His	His	Asn	Pro	Phe	Phe	Asn	Ala	Asn	Ile	Ser	Phe
	130					135					140				
Glu	Glu	Gly	His	His	His	Thr	Ser	Arg	Met	Ile	Asp	Ser	Lys	Leu	Phe
	145					150				155					160
Ala	Pro	Val	Ala	Phe	Gly	Glu	His	Ser	His	Leu	Phe	Asp	Gly	Ile	Leu
				165					170					175	
Tyr	Ala	Phe	Glu	Gln	Glu	Asp	Phe	Cys	Asp	Phe	Glu	Ile	Gln	Phe	Glu
		180						185					190		
Leu	Val	His	Asn	Ser	Ile	His	Ala	Trp	Ile	Gly	Gly	Ser	Glu	Asp	Tyr
		195					200					205			
Ser	Met	Ala	Thr	Leu	His	Tyr	Thr	Ala	Phe	Asp	Pro	Ile	Phe	Tyr	Leu
	210					215					220				
His	His	Ser	Asn	Val	Asp	Arg	Leu	Trp	Ala	Ile	Trp	Gln	Ala	Leu	Gln
	225				230					235					240
Ile	Arg	Arg	His	Lys	Pro	Tyr	Gln	Ala	His	Cys	Ala	Gln	Ser	Val	Glu
				245					250					255	
Gln	Leu	Pro	Met	Lys	Pro	Phe	Ala	Phe	Pro	Ser	Pro	Leu	Asn	Asn	Asn
			260					265					270		
Glu	Lys	Thr	His	Ser	His	Ser	Val	Pro	Thr	Asp	Ile	Tyr	Asp	Tyr	Glu
		275					280					285			
Glu	Val	Leu	His	Tyr	Ser	Tyr	Asp	Asp	Leu	Thr	Phe	Gly	Gly	Met	Asn
	290					295					300				
Leu	Glu	Glu	Ile	Glu	Glu	Ala	Ile	His	Leu	Arg	Gln	Gln	His	Glu	Arg
	305				310					315					320
Val	Phe	Ala	Gly	Phe	Leu	Leu	Ala	Gly	Ile	Gly	Thr	Ser	Ala	Leu	Val
				325					330					335	
Asp	Ile	Phe	Ile	Asn	Lys	Pro	Gly	Asn	Gln	Pro	Leu	Lys	Ala	Gly	Asp
			340					345					350		
Ile	Ala	Ile	Leu	Gly	Gly	Ala	Lys	Glu	Met	Pro	Trp	Ala	Phe	Asp	Arg
		355					360					365			
Leu	Tyr	Lys	Val	Glu	Ile	Thr	Asp	Ser	Leu	Lys	Thr	Leu	Ser	Leu	Asp
	370					375					380				

Val Asp Gly Asp Tyr Glu Val Thr Phe Lys Ile His Asp Met His Gly
 385 390 395 400

Asn Ala Leu Asp Thr Asp Leu Ile Pro His Ala Ala Val Val Ser Glu
 405 410 415

Pro Ala His

<210> 27

<211> 414

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 27

Pro Thr Phe Glu Asp Glu Lys His Ser Leu Arg Ile Arg Lys Asn Val
 1 5 10 15

Asp Ser Leu Thr Pro Glu Glu Thr Asn Glu Leu Arg Lys Ala Leu Glu
 20 25 30

Leu Leu Glu Asn Asp His Thr Ala Gly Gly Phe Asn Gln Leu Gly Ala
 35 40 45

Phe His Gly Glu Pro Lys Trp Cys Pro Asn Pro Glu Ala Glu His Lys
 50 55 60

Val Ala Cys Cys Val His Gly Met Ala Val Phe Pro His Trp His Arg
 65 70 75 80

Leu Leu Ala Leu Gln Ala Glu Asn Ala Leu Arg Lys His Gly Tyr Ser
 85 90 95

Gly Ala Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Arg Pro Leu Ser Gln Leu Pro
 100 105 110

Asp Leu Val Ser His Glu Gln Tyr Thr Asp Pro Ser Asp His His Val
 115 120 125

Lys His Asn Pro Trp Phe Asn Gly His Ile Asp Thr Val Asn Gln Asp
 130 135 140

Thr Thr Arg Ser Val Arg Glu Asp Leu Tyr Gln Gln Pro Glu Phe Gly
 145 150 155 160

His Phe Thr Asp Ile Ala Gln Gln Val Leu Leu Ala Leu Glu Gln Asp
 165 170 175

Asp Phe Cys Ser Phe Glu Val Gln Tyr Glu Ile Ser His Asn Phe Ile
 180 185 190

His Ala Leu Val Gly Gly Thr Asp Ala Tyr Gly Met Ala Ser Leu Arg
 195 200 205

16

Tyr Thr Ala Tyr Asp Pro Ile Phe Phe Leu His His Ser Asn Thr Asp
 210 215 220
 Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Ser Leu Gln Lys Tyr Arg Gly Lys Pro
 225 230 235 240
 Tyr Asn Thr Ala Asn Cys Ala Ile Glu Ser Met Arg Arg Pro Leu Gln
 245 250 255
 Pro Phe Gly Leu Ser Ser Ala Ile Asn Pro Asp Arg Ile Thr Arg Glu
 260 265 270
 His Ala Ile Pro Phe Asp Val Phe Asn Tyr Arg Asp Asn Leu His Tyr
 275 280 285
 Val Tyr Asp Thr Leu Glu Phe Asn Gly Leu Ser Ile Ser Gln Leu Asp
 290 295 300
 Arg Glu Leu Glu Lys Ile Lys Ser His Glu Arg Val Phe Ala Gly Phe
 305 310 315 320
 Leu Leu Ser Gly Ile Lys Lys Ser Ala Leu Val Lys Phe Glu Val Cys
 325 330 335
 Thr Pro Pro Asp Asn Cys His Lys Ala Gly Glu Phe Tyr Leu Leu Gly
 340 345 350
 Asp Glu Asn Glu Met Ala Trp Ala Tyr Asp Arg Leu Phe Lys Tyr Asp
 355 360 365
 Ile Thr Gln Val Leu Glu Ala Asn His Leu His Phe Tyr Asp His Leu
 370 375 380
 Phe Ile Arg Tyr Glu Val Phe Asp Leu Lys Gly Val Ser Leu Gly Thr
 385 390 395 400
 Asp Leu Phe His Thr Ala Asn Val Val His Asp Ser Gly Thr
 405 410

<210> 28

<211> 413

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 28

Gly Thr Arg Asp Arg Asp Asn Tyr Val Glu Glu Val Thr Gly Ala Ser
 1 5 10 15
 His Ile Arg Lys Asn Leu Asn Asp Leu Asn Thr Gly Glu Met Glu Ser
 20 25 30
 Leu Arg Ala Ala Phe Leu His Ile Gln Asp Asp Gly Thr Tyr Glu Ser
 35 40 45
 Ile Ala Gln Tyr His Gly Lys Pro Gly Lys Cys Gln Leu Asn Asp His
 50 55 60

Asn Ile Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Thr Phe Pro Gln Trp His
 65 70 75 80
 Arg Leu Tyr Val Val Gln Val Glu Asn Ala Leu Leu Asn Arg Gly Ser
 85 90 95
 Gly Val Ala Val Pro Tyr Trp Glu Trp Thr Ala Pro Ile Asp His Leu
 100 105 110
 Pro His Phe Ile Asp Asp Ala Thr Tyr Phe Asn Ser Arg Gln Gln Arg
 115 120 125
 Tyr Asp Pro Asn Pro Phe Phe Arg Gly Lys Val Thr Phe Glu Asn Ala
 130 135 140
 Val Thr Thr Arg Asp Pro Gln Ala Gly Leu Phe Asn Ser Asp Tyr Met
 145 150 155 160
 Tyr Glu Asn Val Leu Leu Ala Leu Glu Gln Glu Asn Tyr Cys Asp Phe
 165 170 175
 Glu Ile Gln Phe Glu Leu Val His Asn Ala Leu His Ser Met Leu Gly
 180 185 190
 Gly Lys Gly Gln Tyr Ser Met Ser Ser Leu Asp Tyr Ser Ala Phe Asp
 195 200 205
 Pro Val Phe Phe Leu His His Ala Asn Thr Asp Arg Leu Trp Ala Ile
 210 215 220
 Trp Gln Glu Leu Gln Arg Phe Arg Glu Leu Pro Tyr Glu Glu Ala Asn
 225 230 235 240
 Cys Ala Ile Asn Leu Met His Gln Pro Leu Lys Pro Phe Ser Asp Pro
 245 250 255
 His Glu Asn His Asp Asn Val Thr Leu Lys Tyr Ser Lys Pro Gln Asp
 260 265 270
 Gly Phe Asp Tyr Gln Asn His Phe Gly Tyr Lys Tyr Asp Asn Leu Glu
 275 280 285
 Phe His His Leu Ser Ile Pro Ser Leu Asp Ala Thr Leu Lys Gln Arg
 290 295 300
 Arg Asn His Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu His Asn Ile Gly
 305 310 315 320
 Thr Ser Ala Asp Ile Thr Ile Tyr Ile Cys Leu Pro Asp Gly Arg Arg
 325 330 335
 Gly Asn Asp Cys Ser His Glu Ala Gly Thr Phe Tyr Ile Leu Gly Gly
 340 345 350
 Glu Thr Glu Met Pro Phe Ile Phe Asp Arg Leu Tyr Lys Phe Glu Ile
 355 360 365

Thr Lys Pro Leu Gln Gln Leu Gly Val Lys Leu His Gly Gly Val Phe
 370 375 380

Glu Leu Glu Leu Glu Ile Lys Ala Tyr Asn Gly Ser Tyr Leu Asp Pro
 385 390 395 400

His Thr Phe Asp Pro Thr Ile Ile Phe Glu Pro Gly Thr
 405 410

<210> 29

<211> 420

<212> PRT

<213> Haliotis tuberculata

<400> 29

Asp Thr His Ile Leu Asp His Asp His Glu Glu Glu Ile Leu Val Arg
 1 5 10 15

Lys Asn Ile Ile Asp Leu Ser Pro Arg Glu Arg Val Ser Leu Val Lys
 20 25 30

Ala Leu Gln Arg Met Lys Asn Asp Arg Ser Ala Asp Gly Tyr Gln Ala
 35 40 45

Ile Ala Ser Phe His Ala Leu Pro Pro Leu Cys Pro Asn Pro Ser Ala
 50 55 60

Ala His Arg Tyr Ala Cys Cys Val His Gly Met Ala Thr Phe Pro Gln
 65 70 75 80

Trp His Arg Leu Tyr Thr Val Gln Val Gln Asp Ala Leu Arg Arg His
 85 90 95

Gly Ser Leu Val Gly Ile Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Lys Pro Val Asn
 100 105 110

Glu Leu Pro Glu Leu Leu Ser Ser Ala Thr Phe Tyr His Pro Ile Arg
 115 120 125

Asn Ile Asn Ile Ser Asn Pro Phe Leu Gly Ala Asp Ile Glu Phe Glu
 130 135 140

Gly Pro Gly Val His Thr Glu Arg His Ile Asn Thr Glu Arg Leu Phe
 145 150 155 160

His Ser Gly Asp His Asp Gly Tyr His Asn Trp Phe Phe Glu Thr Val
 165 170 175

Leu Phe Ala Leu Glu Gln Glu Asp Tyr Cys Asp Phe Glu Ile Gln Phe
 180 185 190

Glu Ile Ala His Asn Gly Ile His Thr Trp Ile Gly Gly Ser Ala Val
 195 200 205

19

Tyr Gly Met Gly His Leu His Tyr Ala Ser Tyr Asp Pro Ile Phe Tyr
 210 215 220

Ile His His Ser Gln Thr Asp Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Glu Leu
 225 230 235 240

Gln Lys Tyr Arg Gly Leu Ser Gly Ser Glu Ala Asn Cys Ala Ile Glu
 245 250 255

His Met Arg Thr Pro Leu Lys Pro Phe Ser Phe Gly Pro Pro Tyr Asn
 260 265 270

Leu Asn Ser His Thr Gln Glu Tyr Ser Lys Pro Glu Asp Thr Phe Asp
 275 280 285

Tyr Lys Lys Phe Gly Tyr Arg Tyr Asp Ser Leu Glu Leu Glu Gly Arg
 290 295 300

Ser Ile Ser Arg Ile Asp Glu Leu Ile Gln Gln Arg Gln Glu Lys Asp
 305 310 315 320

Arg Thr Phe Ala Gly Phe Leu Leu Lys Gly Phe Gly Thr Ser Ala Ser
 325 330 335

Val Ser Leu Gln Val Cys Arg Val Asp His Thr Cys Lys Asp Ala Gly
 340 345 350

Tyr Phe Thr Ile Leu Gly Gly Ser Ala Glu Met Pro Trp Ala Phe Asp
 355 360 365

Arg Leu Tyr Lys Tyr Asp Ile Thr Lys Thr Leu His Asp Met Asn Leu
 370 375 380

Arg His Glu Asp Thr Phe Ser Ile Asp Val Thr Ile Thr Ser Tyr Asn
 385 390 395 400

Gly Thr Val Leu Ser Gly Asp Leu Ile Gln Thr Pro Ser Ile Ile Phe
 405 410 415

Val Pro Gly Arg
 420

<210> 30
 <211> 417
 <212> PRT
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 30
 His Lys Leu Asn Ser Arg Lys His Thr Pro Asn Arg Val Arg His Glu
 1 5 10 15

Leu Ser Ser Leu Ser Ser Arg Asp Ile Ala Ser Leu Lys Ala Ala Leu
 20 25 30

Thr Ser Leu Gln His Asp Asn Gly Thr Asp Gly Tyr Gln Ala Ile Ala
 35 40 45

Ala Phe His Gly Val Pro Ala Gln Cys His Glu Pro Ser Gly Arg Glu
 50 55 60
 Ile Ala Cys Cys Ile His Gly Met Ala Thr Phe Pro His Trp His Arg
 65 70 75 80
 Leu Tyr Thr Leu Gln Leu Glu Gln Ala Leu Arg Arg His Gly Ser Ser
 85 90 95
 Val Ala Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Lys Pro Ile Thr Glu Leu Pro
 100 105 110
 His Ile Leu Thr Asp Gly Glu Tyr Tyr Asp Val Trp Gln Asn Ala Val
 115 120 125
 Leu Ala Asn Pro Phe Ala Arg Gly Tyr Val Lys Ile Lys Asp Ala Phe
 130 135 140
 Thr Val Arg Asn Val Gln Glu Ser Leu Phe Lys Met Ser Ser Phe Gly
 145 150 155 160
 Lys His Ser Leu Leu Phe Asp Gln Ala Leu Leu Ala Leu Glu Gln Thr
 165 170 175
 Asp Tyr Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Val Met His Asn Thr Ile
 180 185 190
 His Tyr Leu Val Gly Gly Arg Gln Thr Tyr Ala Phe Ser Ser Leu Glu
 195 200 205
 Tyr Ser Ser Tyr Asp Pro Ile Phe Phe Ile His His Ser Phe Val Asp
 210 215 220
 Lys Ile Trp Ala Val Trp Gln Glu Leu Gln Ser Arg Arg His Leu Gln
 225 230 235 240
 Phe Arg Thr Ala Asp Cys Ala Val Gly Leu Met Gly Gln Ala Met Arg
 245 250 255
 Pro Phe Asn Lys Asp Phe Asn His Asn Ser Phe Thr Lys Lys His Ala
 260 265 270
 Val Pro Asn Thr Val Phe Asp Tyr Glu Asp Leu Gly Tyr Asn Tyr Asp
 275 280 285
 Asn Leu Glu Ile Ser Gly Leu Asn Leu Asn Glu Ile Glu Ala Leu Ile
 290 295 300
 Ala Lys Arg Lys Ser His Ala Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu Phe
 305 310 315 320
 Gly Leu Gly Thr Ser Ala Asp Ile His Leu Glu Ile Cys Lys Thr Ser
 325 330 335
 Glu Asn Cys His Asp Ala Gly Val Ile Phe Ile Leu Gly Gly Ser Ala
 340 345 350

Glu Met His Trp Ala Tyr Asn Arg Leu Tyr Lys Tyr Asp Ile Thr Glu
355 360 365

Ala Leu Gln Glu Phe Asp Ile Asn Pro Glu Asp Val Phe His Ala Asp
370 375 380

Glu Pro Phe Phe Leu Arg Leu Ser Val Val Ala Val Asn Gly Thr Val
385 390 395 400

Ile Pro Ser Ser His Leu His Gln Pro Thr Ile Ile Tyr Glu Pro Gly
405 410 415

Glu

<210> 31

<211> 403

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 31

Asp His His Asp Asp His Gln Ser Gly Ser Ile Ala Gly Ser Gly Val
1 5 10 15

Arg Lys Asp Val Asn Thr Leu Thr Lys Ala Glu Thr Asp Asn Leu Arg
20 25 30

Glu Ala Leu Trp Gly Val Met Ala Asp His Gly Pro Asn Gly Phe Gln
35 40 45

Ala Ile Ala Ala Phe His Gly Lys Pro Ala Leu Cys Pro Met Pro Asp
50 55 60

Gly His Asn Tyr Ser Cys Cys Thr His Gly Met Ala Thr Phe Pro His
65 70 75 80

Trp His Arg Leu Tyr Thr Lys Gln Met Glu Asp Ala Met Arg Ala His
85 90 95

Gly Ser His Val Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Ala Ala Phe Thr
100 105 110

His Leu Pro Thr Leu Val Thr Asp Thr Asp Asn Asn Pro Phe Gln His
115 120 125

Gly His Ile Asp Tyr Leu Asn Val Ser Thr Thr Arg Ser Pro Arg Asp
130 135 140

Met Leu Phe Asn Asp Pro Glu His Gly Ser Glu Ser Phe Phe Tyr Arg
145 150 155 160

Gln Val Leu Leu Ala Leu Glu Gln Thr Asp Phe Cys Lys Phe Glu Val
165 170 175

22

Gln Phe Glu Ile Thr His Asn Ala Ile His Ser Trp Thr Gly Gly His
 180 185 190
 Ser Pro Tyr Gly Met Ser Thr Leu Asp Phe Thr Ala Tyr Asp Pro Leu
 195 200 205
 Phe Trp Leu His His Ser Asn Thr Asp Arg Ile Trp Ala Val Trp Gln
 210 215 220
 Ala Leu Gln Glu Tyr Arg Gly Leu Pro Tyr Asn His Ala Asn Cys Glu
 225 230 235 240
 Ile Gln Ala Met Lys Thr Pro Leu Arg Pro Phe Ser Asp Asp Ile Asn
 245 250 255
 His Asn Pro Val Thr Lys Ala Asn Ala Lys Pro Leu Asp Val Phe Glu
 260 265 270
 Tyr Asn Arg Leu Ser Phe Gln Tyr Asp Asn Leu Ile Phe His Gly Tyr
 275 280 285
 Ser Ile Pro Glu Leu Asp Arg Val Leu Glu Glu Arg Lys Glu Glu Asp
 290 295 300
 Arg Ile Phe Ala Ala Phe Leu Leu Ser Gly Ile Lys Arg Ser Ala Asp
 305 310 315 320
 Val Val Phe Asp Ile Cys Gln Pro Glu His Glu Cys Val Phe Ala Gly
 325 330 335
 Thr Phe Ala Ile Leu Gly Gly Glu Leu Glu Met Pro Trp Ser Phe Asp
 340 345 350
 Arg Leu Phe Arg Tyr Asp Ile Thr Lys Val Met Lys Gln Leu His Leu
 355 360 365
 Arg His Asp Ser Asp Phe Thr Phe Arg Val Lys Ile Val Gly Thr Asp
 370 375 380
 Asp His Glu Leu Pro Ser Asp Ser Val Lys Ala Pro Thr Ile Glu Phe
 385 390 395 400
 Glu Pro Gly

<210> 32

<211> 511

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 32

Val His Arg Gly Gly Asn His Glu Asp Glu His His Asp Asp Arg Leu
 1 5 10 15
 Ala Asp Val Leu Ile Arg Lys Glu Val Asp Phe Leu Ser Leu Gln Glu
 20 25 30

Ala Asn Ala Ile Lys Asp Ala Leu Tyr Lys Leu Gln Asn Asp Asp Ser
 35 40 45
 Lys Gly Gly Phe Glu Ala Ile Ala Gly Tyr His Gly Tyr Pro Asn Met
 50 55 60
 Cys Pro Glu Arg Gly Thr Asp Lys Tyr Pro Cys Cys Val His Gly Met
 65 70 75 80
 Pro Val Phe Pro His Trp His Arg Leu His Thr Ile Gln Met Glu Arg
 85 90 95
 Ala Leu Lys Asn His Gly Ser Pro Met Gly Ile Pro Tyr Trp Asp Trp
 100 105 110
 Thr Lys Lys Met Ser Ser Leu Pro Ser Phe Phe Gly Asp Ser Ser Asn
 115 120 125
 Asn Asn Pro Phe Tyr Lys Tyr Tyr Ile Arg Gly Val Gln His Glu Thr
 130 135 140
 Thr Arg Asp Val Asn Gln Arg Leu Phe Asn Gln Thr Lys Phe Gly Glu
 145 150 155 160
 Phe Asp Tyr Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Gln Val Leu Glu Glu Asn Ser
 165 170 175
 Tyr Cys Asp Phe Glu Val Gln Tyr Glu Ile Leu His Asn Ala Val His
 180 185 190
 Ser Trp Leu Gly Gly Thr Gly Gln Tyr Ser Met Ser Thr Leu Glu Tyr
 195 200 205
 Ser Ala Phe Asp Pro Val Phe Met Ile His His Ser Ser Leu Asp Arg
 210 215 220
 Ile Trp Ile Leu Trp Gln Lys Leu Gln Lys Ile Arg Met Lys Pro Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Ala Leu Asp Cys Ala Gly Asp Arg Leu Met Lys Asp Pro Leu His
 245 250 255
 Pro Phe Asn Tyr Glu Thr Val Asn Glu Asp Glu Phe Thr Arg Ile Asn
 260 265 270
 Ser Phe Pro Ser Ile Leu Phe Asp His Tyr Arg Phe Asn Tyr Glu Tyr
 275 280 285
 Asp Asn Met Arg Ile Arg Gly Gln Asp Ile His Glu Leu Glu Glu Val
 290 295 300
 Ile Gln Glu Leu Arg Asn Lys Asp Arg Ile Phe Ala Gly Phe Val Leu
 305 310 315 320
 Ser Gly Leu Arg Ile Ser Ala Thr Val Lys Val Phe Ile His Ser Lys
 325 330 335

Asn Asp Thr Ser His Glu Glu Tyr Ala Gly Glu Phe Ala Val Leu Gly
340 345 350

Gly Glu Lys Glu Met Pro Trp Ala Tyr Glu Arg Met Leu Lys Leu Asp
355 360 365

Ile Ser Asp Ala Val His Lys Leu His Val Lys Asp Glu Asp Ile Arg
370 375 380

Phe Arg Val Val Val Thr Ala Tyr Asn Gly Asp Val Val Thr Thr Arg
385 390 395 400

Leu Ser Gln Pro Phe Ile Val His Arg Pro Ala His Val Ala His Asp
405 410 415

Ile Leu Val Ile Pro Val Gly Ala Gly His Asp Leu Pro Pro Lys Val
420 425 430

Val Val Lys Ser Gly Thr Lys Val Glu Phe Thr Pro Ile Asp Ser Ser
435 440 445

Val Asn Lys Ala Met Val Glu Leu Gly Ser Tyr Thr Ala Met Ala Lys
450 455 460

Cys Ile Val Pro Pro Phe Ser Tyr His Gly Phe Glu Leu Asp Lys Val
465 470 475 480

Tyr Ser Val Asp His Gly Asp Tyr Tyr Ile Ala Ala Gly Thr His Ala
485 490 495

Leu Cys Glu Gln Asn Leu Arg Leu His Ile His Val Glu His Glu
500 505 510

<210> 33

<211> 334

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 33

His Arg Leu Phe Val Thr Gln Val Glu Asp Ala Leu Ile Arg Arg Gly
1 5 10 15

Ser Pro Ile Gly Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Gln Pro Met Ala His
20 25 30

Leu Pro Gly Leu Ala Asp Asn Ala Thr Tyr Arg Asp Pro Ile Ser Gly
35 40 45

Asp Ser Arg His Asn Pro Phe His Asp Val Glu Val Ala Phe Glu Asn
50 55 60

Gly Arg Thr Glu Arg His Pro Asp Ser Arg Leu Phe Glu Gln Pro Leu
65 70 75 80

25

Phe Gly Lys His Thr Arg Leu Phe Asp Ser Ile Val Tyr Ala Phe Glu
 85 90 95
 Gln Glu Asp Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Met Thr His Asn
 100 105 110
 Asn Ile His Ala Trp Ile Gly Gly Gly Glu Lys Tyr Ser Met Ser Ser
 115 120 125
 Leu His Tyr Thr Ala Phe Asp Pro Ile Phe Tyr Leu Arg His Ser Asn
 130 135 140
 Thr Asp Arg Leu Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Ile Arg Arg Asn
 145 150 155 160
 Arg Pro Tyr Lys Ala His Cys Ala Trp Ser Glu Glu Arg Gln Pro Leu
 165 170 175
 Lys Pro Phe Ala Phe Ser Ser Pro Leu Asn Asn Asn Glu Lys Thr Tyr
 180 185 190
 Glu Asn Ser Val Pro Thr Asn Val Tyr Asp Tyr Glu Gly Val Leu Gly
 195 200 205
 Tyr Thr Tyr Asp Asp Leu Asn Phe Gly Gly Met Asp Leu Gly Gln Leu
 210 215 220
 Glu Glu Tyr Ile Gln Arg Gln Arg Gln Arg Asp Arg Thr Phe Ala Gly
 225 230 235 240
 Phe Phe Leu Ser His Ile Gly Thr Ser Ala Asn Val Glu Ile Ile Ile
 245 250 255
 Asp His Gly Thr Leu His Thr Ser Val Gly Thr Phe Ala Val Leu Gly
 260 265 270
 Gly Glu Lys Glu Met Lys Trp Gly Phe Asp Arg Leu Tyr Lys Tyr Glu
 275 280 285
 Ile Thr Asp Glu Leu Arg Gln Leu Asn Leu Arg Ala Asp Asp Val Phe
 290 295 300
 Ser Ile Ser Val Lys Val Thr Asp Val Asp Gly Ser Glu Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Glu Leu Ile Pro Ser Ala Ala Ile Ile Phe Glu Arg Ser His
 325 330

<210> 34

<211> 417

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 34

Ile Asp His Gln Asp Pro His His Asp Thr Ile Ile Arg Lys Asn Val
 1 5 10 15

Asp Asn Leu Thr Pro Glu Glu Ile Asn Ser Leu Arg Arg Ala Met Ala
 20 25 30
 Asp Leu Gln Ser Asp Lys Thr Ala Gly Gly Phe Gln Gln Ile Ala Ala
 35 40 45
 Phe His Gly Glu Pro Lys Trp Cys Pro Ser Pro Asp Ala Glu Lys Lys
 50 55 60
 Phe Ser Cys Cys Val His Gly Met Ala Val Phe Pro His Trp His Arg
 65 70 75 80
 Leu Leu Thr Val Gln Gly Glu Asn Ala Leu Arg Lys His Gly Cys Leu
 85 90 95
 Gly Ala Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Arg Pro Leu Ser His Leu Pro
 100 105 110
 Asp Leu Val Leu Val Ser Ser Arg Thr Thr Pro Met Pro Tyr Ser Thr
 115 120 125
 Val Glu Ala Arg Asn Pro Trp Tyr Ser Gly His Ile Asp Thr Val Gly
 130 135 140
 Val Asp Thr Thr Arg Ser Val Arg Gln Glu Leu Tyr Glu Ala Pro Gly
 145 150 155 160
 Phe Gly His Tyr Thr Gly Val Ala Lys Gln Val Leu Leu Ala Leu Glu
 165 170 175
 Gln Asp Asp Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Ile Ala His Asn
 180 185 190
 Phe Ile His Ala Leu Val Gly Gly Ser Glu Pro Tyr Gly Met Ala Ser
 195 200 205
 Leu Arg Tyr Thr Thr Tyr Asp Pro Ile Phe Tyr Leu His His Ser Asn
 210 215 220
 Thr Asp Arg Leu Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Lys Tyr Arg Gly
 225 230 235 240
 Lys Pro Tyr Asn Ser Ala Asn Cys Ala Ile Ala Ser Met Arg Lys Pro
 245 250 255
 Leu Gln Pro Phe Gly Leu Thr Asp Glu Ile Asn Pro Asp Asp Glu Thr
 260 265 270
 Arg Gln His Ala Val Pro Phe Ser Val Phe Asp Tyr Lys Asn Asn Phe
 275 280 285
 Asn Tyr Glu Tyr Asp Thr Leu Asp Phe Asn Gly Leu Ser Ile Ser Gln
 290 295 300
 Leu Asp Arg Glu Leu Ser Arg Arg Lys Ser His Asp Arg Val Phe Ala
 305 310 315 320

Gly	Phe	Leu	Leu	His	Gly	Ile	Gln	Gln	Ser	Ala	Leu	Val	Lys	Phe	Phe	
				325					330					335		
Val	Cys	Lys	Ser	Asp	Asp	Asp	Cys	Asp	His	Tyr	Ala	Gly	Glu	Phe	Tyr	
			340					345					350			
Ile	Leu	Gly	Asp	Glu	Ala	Glu	Met	Pro	Trp	Gly	Tyr	Asp	Arg	Leu	Tyr	
		355					360					365				
Lys	Tyr	Glu	Ile	Thr	Glu	Gln	Leu	Asn	Ala	Leu	Asp	Leu	His	Ile	Gly	
	370					375					380					
Asp	Arg	Phe	Phe	Ile	Arg	Tyr	Glu	Ala	Phe	Asp	Leu	His	Gly	Thr	Ser	
385					390					395					400	
Leu	Gly	Ser	Asn	Ile	Phe	Pro	Lys	Pro	Ser	Val	Ile	His	Asp	Glu	Gly	
			405						410					415		

Ala

```
<210> 35
<211> 415
<212> PRT
<213> Haliotis tuberculata
```

```

400> 35
Gly His His Gln Ala Asp Glu Tyr Asp Glu Val Val Thr Ala Ala Ser
  1              5              10              15
His Ile Arg Lys Asn Leu Lys Asp Leu Ser Lys Gly Glu Val Glu Ser
              20              25              30
Leu Arg Ser Ala Phe Leu Gln Leu Gln Asn Asp Gly Val Tyr Glu Asn
              35              40              45
Ile Ala Lys Phe His Gly Lys Pro Gly Leu Cys Asp Asp Asn Gly Arg
  50              55              60
Lys Val Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Thr Phe Pro Gln Trp His
  65              70              75              80
Arg Leu Tyr Val Leu Gln Val Glu Asn Ala Leu Leu Glu Arg Gly Ser
              85              90              95
Ala Val Ser Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Glu Thr Phe Thr Glu Leu
              100              105              110
Pro Ser Leu Ile Ala Glu Ala Thr Tyr Phe Asn Ser Arg Gln Gln Thr
              115              120              125
Phe Asp Pro Asn Pro Phe Phe Arg Gly Lys Ile Ser Phe Glu Asn Ala
  130              135              140

```


Val Thr Thr Arg Asp Pro Gln Pro Glu Leu Tyr Val Asn Arg Tyr Tyr
 145 150 155 160
 Tyr Gln Asn Val Met Leu Val Phe Glu Gln Asp Asn Tyr Cys Asp Phe
 165 170 175
 Glu Ile Gln Phe Glu Met Val His Asn Val Leu His Ala Trp Leu Gly
 180 185 190
 Gly Arg Ala Thr Tyr Ser Ile Ser Ser Leu Asp Tyr Ser Ala Phe Asp
 195 200 205
 Pro Val Phe Phe Leu His His Ala Asn Thr Asp Arg Leu Trp Ala Ile
 210 215 220
 Trp Gln Glu Leu Gln Arg Tyr Arg Lys Lys Pro Tyr Asn Glu Ala Asp
 225 230 235 240
 Cys Ala Ile Asn Leu Met Arg Lys Pro Leu His Pro Phe Asp Asn Ser
 245 250 255
 Asp Leu Asn His Asp Pro Val Thr Phe Lys Tyr Ser Lys Pro Thr Asp
 260 265 270
 Gly Phe Asp Tyr Gln Asn Asn Phe Gly Tyr Lys Tyr Asp Asn Leu Glu
 275 280 285
 Phe Asn His Phe Ser Ile Pro Arg Leu Glu Glu Ile Ile Arg Ile Arg
 290 295 300
 Gln Arg Gln Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu His Asn Ile Gly
 305 310 315 320
 Thr Ser Ala Thr Val Glu Ile Phe Val Cys Val Pro Thr Thr Ser Gly
 325 330 335
 Glu Gln Asn Cys Glu Asn Lys Ala Gly Thr Phe Ala Val Leu Gly Gly
 340 345 350
 Glu Thr Glu Met Ala Phe His Phe Asp Arg Leu Tyr Arg Phe Asp Ile
 355 360 365
 Ser Glu Thr Leu Arg Asp Leu Gly Ile Gln Leu Asp Ser His Asp Phe
 370 375 380
 Asp Leu Ser Ile Lys Ile Gln Gly Val Asn Gly Ser Tyr Leu Asp Pro
 385 390 395 400
 His Ile Leu Pro Glu Pro Ser Leu Ile Phe Val Pro Gly Ser Ser
 405 410 415

<210> 36

<211> 418

<212> PRT

<213> Haliotis tuberculata

<400> 36

```

Ser Phe Leu Arg Pro Asp Gly His Ser Asp Asp Ile Leu Val Arg Lys
  1              5              10              15

Glu Val Asn Ser Leu Thr Thr Arg Glu Thr Ala Ser Leu Ile His Ala
      20              25              30

Leu Lys Ser Met Gln Glu Asp His Ser Pro Asp Gly Phe Gln Ala Ile
      35              40              45

Ala Ser Phe His Ala Leu Pro Leu Cys Pro Ser Pro Ser Ala Ala
      50              55              60

His Arg Tyr Ala Cys Cys Val His Gly Met Ala Thr Phe Pro Gln Trp
      65              70              75              80

His Arg Leu Tyr Thr Val Gln Phe Gln Asp Ala Leu Arg Arg His Gly
      85              90              95

Ala Thr Val Gly Val Pro Tyr Trp Asp Trp Leu Arg Pro Gln Ser His
      100             105             110

Leu Pro Glu Leu Val Thr Met Glu Thr Tyr His Asp Ile Trp Ser Asn
      115             120             125

Arg Asp Phe Pro Asn Pro Phe Tyr Gln Ala Asn Ile Glu Phe Glu Gly
      130             135             140

Glu Asn Ile Thr Thr Glu Arg Glu Val Ile Ala Asp Lys Leu Phe Val
      145             150             155             160

Lys Gly Gly His Val Phe Asp Lys Leu Val Leu Gln Thr Ser His Pro
      165             170             175

Ser Ala Glu Gln Glu Asn Tyr Cys Asp Phe Glu Ile Gln Phe Glu Ile
      180             185             190

Leu His Asn Gly Val His Thr Trp Val Gly Gly Ser Arg Thr Tyr Ser
      195             200             205

Ile Gly His Leu His Tyr Ala Phe Tyr Asp Pro Leu Phe Tyr Leu His
      210             215             220

His Phe Gln Thr Asp Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Glu Leu Gln Glu
      225             230             235             240

Gln Arg Gly Leu Ser Gly Asp Glu Ala His Cys Ala Leu Glu Gln Met
      245             250             255

Arg Glu Pro Leu Lys Pro Phe Ser Phe Gly Ala Pro Tyr Asn Trp Asn
      260             265             270

Gln Leu Thr Gln Asp Phe Ser Arg Pro Glu Asp Thr Phe Asp Tyr Arg
      275             280             285

Lys Phe Gly Tyr Glu Tyr Asp Asn Leu Glu Phe Leu Gly Met Ser Val
      290             295             300

```

Ala Glu Leu Asp Gln Tyr Ile Ile Glu His Gln Glu Asn Asp Arg Val
 305 310 315 320

Phe Ala Gly Phe Leu Leu Ser Gly Phe Gly Gly Ser Ala Ser Val Asn
 325 330 335

Phe Gln Val Cys Arg Ala Asp Ser Thr Cys Gln Asp Ala Gly Tyr Phe
 340 345 350

Thr Val Leu Gly Gly Ser Ala Glu Met Ala Trp Ala Phe Asp Arg Leu
 355 360 365

Tyr Lys Tyr Asp Ile Thr Glu Thr Leu Glu Lys Met His Leu Arg Tyr
 370 375 380

Asp Asp Asp Phe Thr Ile Ser Val Ser Leu Thr Ala Asn Asn Gly Thr
 385 390 395 400

Val Leu Ser Ser Ser Leu Ile Pro Thr Pro Ser Val Ile Phe Gln Arg
 405 410 415

Gly His

<210> 37

<211> 416

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 37

Arg Asp Ile Asn Thr Arg Ser Met Ser Pro Asn Arg Val Arg Arg Glu
 1 5 10 15

Leu Ser Asp Leu Ser Ala Arg Asp Leu Ser Ser Leu Lys Ser Ala Leu
 20 25 30

Arg Asp Leu Gln Glu Asp Asp Gly Pro Asn Gly Tyr Gln Ala Leu Ala
 35 40 45

Ala Phe His Gly Leu Pro Ala Gly Cys His Asp Ser Arg Gly Asn Glu
 50 55 60

Ile Ala Cys Cys Ile His Gly Met Pro Thr Phe Pro Gln Trp His Arg
 65 70 75 80

Leu Tyr Thr Leu Gln Leu Glu Met Ala Leu Arg Arg His Gly Ser Ser
 85 90 95

Val Ala Ile Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Lys Pro Ile Ser Glu Leu Pro
 100 105 110

Ser Leu Phe Thr Ser Pro Glu Tyr Tyr Asp Pro Trp His Asp Ala Val
 115 120 125

Val Asn Asn Pro Phe Ser Lys Gly Phe Val Lys Phe Ala Asn Thr Tyr
 130 135 140
 Thr Val Arg Asp Pro Gln Glu Met Leu Phe Gln Leu Cys Glu His Gly
 145 150 155 160
 Glu Ser Ile Leu Tyr Glu Gln Thr Leu Leu Ala Leu Glu Gln Thr Asp
 165 170 175
 Tyr Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Val Leu His Asn Val Ile His
 180 185 190
 Tyr Leu Val Gly Gly Arg Gln Thr Tyr Ala Leu Ser Ser Leu His Tyr
 195 200 205
 Ala Ser Tyr Asp Pro Phe Phe Ile His His Ser Phe Val Asp Lys
 210 215 220
 Met Trp Val Val Trp Gln Ala Leu Gln Lys Arg Arg Lys Leu Pro Tyr
 225 230 235 240
 Lys Arg Ala Asp Cys Ala Val Asn Leu Met Thr Lys Pro Met Arg Pro
 245 250 255
 Phe Asp Ser Asp Met Asn Gln Asn Pro Phe Thr Lys Met His Ala Val
 260 265 270
 Pro Asn Thr Leu Tyr Asp Tyr Glu Thr Leu Tyr Tyr Ser Tyr Asp Asn
 275 280 285
 Leu Glu Ile Gly Gly Arg Asn Leu Asp Gln Leu Gln Ala Glu Ile Asp
 290 295 300
 Arg Ser Arg Ser His Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu Arg Gly
 305 310 315 320
 Ile Gly Thr Ser Ala Asp Val Arg Phe Trp Ile Cys Arg Asn Glu Asn
 325 330 335
 Asp Cys His Arg Gly Gly Ile Ile Phe Ile Leu Gly Gly Ala Lys Glu
 340 345 350
 Met Pro Trp Ser Phe Asp Arg Asn Phe Lys Phe Asp Ile Thr His Val
 355 360 365
 Leu Glu Asn Ala Gly Ile Ser Pro Glu Asp Val Phe Asp Ala Glu Glu
 370 375 380
 Pro Phe Tyr Ile Lys Val Glu Ile His Ala Val Asn Lys Thr Met Ile
 385 390 395 400
 Pro Ser Ser Val Ile Pro Ala Pro Thr Ile Ile Tyr Ser Pro Gly Glu
 405 410 415

<210> 38
 <211> 402
 <212> PRT
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 38
 Gly Arg Ala Ala Asp Ser Ala His Ser Ala Asn Ile Ala Gly Ser Gly
 1 5 10 15
 Val Arg Lys Asp Val Thr Thr Leu Thr Val Ser Glu Thr Glu Asn Leu
 20 25 30
 Arg Gln Ala Leu Gln Gly Val Ile Asp Asp Thr Gly Pro Asn Gly Tyr
 35 40 45
 Gln Ala Ile Ala Ser Phe His Gly Ser Pro Pro Met Cys Glu Met Asn
 50 55 60
 Gly Arg Lys Val Ala Cys Cys Ala His Gly Met Ala Ser Phe Pro His
 65 70 75 80
 Trp His Arg Leu Tyr Val Lys Gln Met Glu Asp Ala Leu Ala Asp His
 85 90 95
 Gly Ser His Ile Gly Ile Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Thr Ala Phe Thr
 100 105 110
 Glu Leu Pro Ala Leu Val Thr Asp Ser Glu Asn Asn Pro Phe His Glu
 115 120 125
 Gly Arg Ile Asp His Leu Gly Val Thr Thr Ser Arg Ser Pro Arg Asp
 130 135 140
 Met Leu Phe Asn Asp Pro Glu Gln Gly Ser Glu Ser Phe Phe Tyr Arg
 145 150 155 160
 Gln Val Leu Leu Ala Leu Glu Gln Thr Asp Tyr Cys Gln Phe Glu Val
 165 170 175
 Gln Phe Glu Leu Thr His Asn Ala Ile His Ser Trp Thr Gly Gly Arg
 180 185 190
 Ser Pro Tyr Gly Met Ser Thr Leu Glu Phe Thr Ala Tyr Asp Pro Leu
 195 200 205
 Phe Trp Leu His His Ser Asn Thr Asp Arg Ile Trp Ala Val Trp Gln
 210 215 220
 Ala Leu Gln Lys Tyr Arg Gly Leu Pro Tyr Asn Glu Ala His Cys Glu
 225 230 235 240
 Ile Gln Val Leu Lys Gln Pro Leu Arg Pro Phe Asn Asp Asp Ile Asn
 245 250 255
 His Asn Pro Ile Thr Lys Thr Asn Ala Arg Pro Ile Asp Ser Phe Asp
 260 265 270

Tyr Glu Arg Phe Asn Tyr Gln Tyr Asp Thr Leu Ser Phe His Gly Lys
 275 280 285
 Ser Ile Pro Glu Leu Asn Asp Leu Leu Glu Glu Arg Lys Arg Glu Glu
 290 295 300
 Arg Thr Phe Ala Ala Phe Leu Leu Arg Gly Ile Gly Cys Ser Ala Asp
 305 310 315 320
 Val Val Phe Asp Ile Cys Arg Pro Asn Gly Asp Cys Val Phe Ala Gly
 325 330 335
 Thr Phe Ala Val Leu Gly Gly Glu Leu Glu Met Pro Trp Ser Phe Asp
 340 345 350
 Arg Leu Phe Arg Tyr Asp Ile Thr Arg Val Met Asn Gln Leu His Leu
 355 360 365
 Gln Tyr Asp Ser Asp Phe Ser Phe Arg Val Lys Leu Val Ala Thr Asn
 370 375 380
 Gly Thr Glu Leu Ser Ser Asp Leu Leu Lys Ser Pro Thr Ile Glu His
 385 390 395 400
 Glu Leu

<210> 39

<211> 515

<212> PRT

<213> Haliotis tuberculata

<400> 39

Gly Ala His Arg Gly Pro Val Glu Glu Thr Glu Val Thr Arg Gln His
 1 5 10 15

Thr Asp Gly Asn Ala His Phe His Arg Lys Glu Val Asp Ser Leu Ser
 20 25 30

Leu Asp Glu Ala Asn Asn Leu Lys Asn Ala Leu Tyr Lys Leu Gln Asn
 35 40 45

Asp His Ser Leu Thr Gly Tyr Glu Ala Ile Ser Gly Tyr His Gly Tyr
 50 55 60

Pro Asn Leu Cys Pro Glu Glu Gly Asp Asp Lys Ile Pro Leu Leu Arg
 65 70 75 80

Pro Arg Met Gly Ile Phe Pro Tyr Trp His Arg Leu Leu Thr Ile Gln
 85 90 95

Leu Glu Arg Ala Leu Glu His Asn Gly Ala Leu Leu Gly Val Pro Tyr
 100 105 110

Trp Asp Trp Asn Lys Asp Leu Ser Ser Leu Pro Ala Phe Phe Ser Asp
 115 120 125
 Ser Ser Asn Asn Asn Pro Tyr Phe Lys Tyr His Ile Ala Gly Val Gly
 130 135 140
 His Asp Thr Val Arg Glu Pro Thr Ser Leu Ile Tyr Asn Gln Pro Gln
 145 150 155 160
 Ile His Gly Tyr Asp Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Leu Thr Thr Leu Glu
 165 170 175
 Glu Asn Asn Tyr Trp Asp Phe Glu Val Gln Tyr Glu Ile Leu His Asn
 180 185 190
 Ala Val His Ser Trp Leu Gly Gly Ser Gln Lys Tyr Ser Met Ser Thr
 195 200 205
 Leu Glu Tyr Ser Ala Phe Asp Pro Val Phe Met Ile Leu His Ser Gly
 210 215 220
 Leu Asp Arg Leu Trp Ile Ile Trp Gln Glu Leu Gln Lys Ile Arg Arg
 225 230 235 240
 Lys Pro Tyr Asn Phe Ala Lys Cys Ala Tyr His Met Met Glu Glu Pro
 245 250 255
 Leu Ala Pro Phe Ser Tyr Pro Ser Ile Asn Gln Asp Glu Phe Thr Arg
 260 265 270
 Ala Asn Ser Lys Pro Ser Thr Val Phe Asp Ser His Lys Phe Gly Tyr
 275 280 285
 His Tyr Asp Asn Leu Asn Val Arg Gly His Ser Ile Gln Glu Leu Asn
 290 295 300
 Thr Ile Ile Asn Asp Leu Arg Asn Thr Asp Arg Ile Tyr Ala Gly Phe
 305 310 315 320
 Val Leu Ser Gly Ile Gly Thr Ser Ala Ser Val Lys Ile Tyr Leu Arg
 325 330 335
 Thr Asp Asp Asn Asp Glu Glu Val Gly Thr Phe Thr Val Leu Gly Gly
 340 345 350
 Glu Arg Glu Met Pro Trp Ala Tyr Glu Arg Val Phe Lys Tyr Asp Ile
 355 360 365
 Thr Glu Val Ala Asp Arg Leu Lys Ile Lys Leu Trp Gly His Pro Leu
 370 375 380
 Thr Ser Gly Thr Gly Asp His Ile Leu Thr Asn Gly Ile Gly Gly Lys
 385 390 395 400
 Gln Glu Pro Thr Gln Ile Leu Ser Ser Ser Thr Asp Leu Pro Ile Met
 405 410 415

35

Thr Thr Met Phe Leu Leu Ser Gln Xaa Gly Arg Asn Leu His Ile Pro
420 425 430

Pro Lys Val Val Val Lys Lys Gly Thr Arg Ile Glu Phe His Pro Val
435 440 445

Asp Asp Ser Val Thr Arg Pro Val Val Asp Leu Gly Ser Tyr Thr Ala
450 455 460

Leu Phe Asn Cys Val Val Pro Pro Phe Thr Tyr His Gly Phe Glu Leu
465 470 475 480

Asn His Val Tyr Ser Val Lys Pro Gly Asp Tyr Tyr Val Thr Gly Pro
485 490 495

Thr Arg Asp Leu Cys Gln Asn Ala Asp Val Arg Ile His Ile His Val
500 505 510

Glu Asp Glu
515

<210> 40

<211> 322

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 40

Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Glu Pro Met Thr His Ile Pro Gly
1 5 10 15

Leu Ala Gly Asn Lys Thr Tyr Val Asp Ser His Gly Ala Ser His Thr
20 25 30

Asn Pro Phe His Ser Ser Val Ile Ala Phe Glu Glu Asn Ala Pro His
35 40 45

Thr Lys Arg Gln Ile Asp Gln Arg Leu Phe Lys Pro Ala Thr Phe Gly
50 55 60

His His Thr Asp Leu Phe Asn Gln Ile Leu Tyr Ala Phe Glu Gln Glu
65 70 75 80

Asp Tyr Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Ile Thr His Asn Thr Ile
85 90 95

His Ala Trp Thr Gly Gly Ser Glu His Phe Ser Met Ser Ser Leu His
100 105 110

Tyr Thr Ala Phe Asp Pro Leu Phe Tyr Phe His His Ser Asn Val Asp
115 120 125

Arg Leu Trp Ala Val Trp Gln Ala Leu Gln Met Arg Arg His Lys Pro
130 135 140

Tyr Arg Ala His Cys Ala Ile Ser Leu Glu His Met His Leu Lys Pro
145 150 155 160

Phe Ala Phe Ser Ser Pro Leu Asn Asn Asn Glu Lys Thr His Ala Asn
 165 170 175
 Ala Met Pro Asn Lys Ile Tyr Asp Tyr Glu Asn Val Leu His Tyr Thr
 180 185 190
 Tyr Glu Asp Leu Thr Phe Gly Gly Ile Ser Leu Glu Asn Ile Glu Lys
 195 200 205
 Met Ile His Glu Asn Gln Gln Glu Asp Arg Ile Tyr Ala Gly Phe Leu
 210 215 220
 Leu Ala Gly Ile Arg Thr Ser Ala Asn Val Asp Ile Phe Ile Lys Thr
 225 230 235 240
 Thr Asp Ser Val Gln His Lys Ala Gly Thr Phe Ala Val Leu Gly Gly
 245 250 255
 Ser Lys Glu Met Lys Trp Gly Phe Asp Arg Val Phe Lys Phe Asp Ile
 260 265 270
 Thr His Val Leu Lys Asp Leu Asp Leu Thr Ala Asp Gly Asp Phe Glu
 275 280 285
 Val Thr Val Asp Ile Thr Glu Val Asp Gly Thr Lys Leu Ala Ser Ser
 290 295 300
 Leu Ile Pro His Ala Ser Val Ile Arg Glu His Ala Arg Gly Lys Leu
 305 310 315 320
 Asn Arg

<210> 41
 <211> 414
 <212> PRT
 <213> Megathura crenulata

<400> 41
 Val Lys Phe Asp Lys Val Pro Arg Ser Arg Leu Ile Arg Lys Asn Val
 1 5 10 15
 Asp Arg Leu Ser Pro Glu Glu Met Asn Glu Leu Arg Lys Ala Leu Ala
 20 25 30
 Leu Leu Lys Glu Asp Lys Ser Ala Gly Gly Phe Gln Gln Leu Gly Ala
 35 40 45
 Phe His Gly Glu Pro Lys Trp Cys Pro Ser Pro Glu Ala Ser Lys Lys
 50 55 60
 Phe Ala Cys Cys Val His Gly Met Ser Val Phe Pro His Trp His Arg
 65 70 75 80

Leu Leu Thr Val Gln Ser Glu Asn Ala Leu Arg Arg His Gly Tyr Asp
 85 90 95
 Gly Ala Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Ser Pro Leu Asn His Leu Pro
 100 105 110
 Glu Leu Ala Asp His Glu Lys Tyr Val Asp Pro Glu Asp Gly Val Glu
 115 120 125
 Lys His Asn Pro Trp Phe Asp Gly His Ile Asp Thr Val Asp Lys Thr
 130 135 140
 Thr Thr Arg Ser Val Gln Asn Lys Leu Phe Glu Gln Pro Glu Phe Gly
 145 150 155 160
 His Tyr Thr Ser Ile Ala Lys Gln Val Leu Leu Ala Leu Glu Gln Asp
 165 170 175
 Asn Phe Cys Asp Phe Glu Ile Gln Tyr Glu Ile Ala His Asn Tyr Ile
 180 185 190
 His Ala Leu Val Gly Gly Ala Gln Pro Tyr Gly Met Ala Ser Leu Arg
 195 200 205
 Tyr Thr Ala Phe Asp Pro Leu Phe Tyr Leu His His Ser Asn Thr Asp
 210 215 220
 Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Lys Tyr Arg Gly Lys Pro
 225 230 235 240
 Tyr Asn Val Ala Asn Cys Ala Val Thr Ser Met Arg Glu Pro Leu Gln
 245 250 255
 Pro Phe Gly Leu Ser Ala Asn Ile Asn Thr Asp His Val Thr Lys Glu
 260 265 270
 His Ser Val Pro Phe Asn Val Phe Asp Tyr Lys Thr Asn Phe Asn Tyr
 275 280 285
 Glu Tyr Asp Thr Leu Glu Phe Asn Gly Leu Ser Ile Ser Gln Leu Asn
 290 295 300
 Lys Lys Leu Glu Ala Ile Lys Ser Gln Asp Arg Phe Phe Ala Gly Phe
 305 310 315 320
 Leu Leu Ser Gly Phe Lys Lys Ser Ser Leu Val Lys Phe Asn Ile Cys
 325 330 335
 Thr Asp Ser Ser Asn Cys His Pro Ala Gly Glu Phe Tyr Leu Leu Gly
 340 345 350
 Asp Glu Asn Glu Met Pro Trp Ala Tyr Asp Arg Val Phe Lys Tyr Asp
 355 360 365
 Ile Thr Glu Lys Leu His Asp Leu Lys Leu His Ala Glu Asp His Phe
 370 375 380

38

Tyr Ile Asp Tyr Glu Val Phe Asp Leu Lys Pro Ala Ser Leu Gly Lys
 385 390 395 400

Asp Leu Phe Lys Gln Pro Ser Val Ile His Glu Pro Arg Ile
 405 410

<210> 42

<211> 411

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 42

Gly His His Glu Gly Glu Val Tyr Gln Ala Glu Val Thr Ser Ala Asn
 1 5 10 15

Arg Ile Arg Lys Asn Ile Glu Asn Leu Ser Leu Gly Glu Leu Glu Ser
 20 25 30

Leu Arg Ala Ala Phe Leu Glu Ile Glu Asn Asp Gly Thr Tyr Glu Ser
 35 40 45

Ile Ala Lys Phe His Gly Ser Pro Gly Leu Cys Gln Leu Asn Gly Asn
 50 55 60

Pro Ile Ser Cys Cys Val His Gly Met Pro Thr Phe Pro His Trp His
 65 70 75 80

Arg Leu Tyr Val Val Val Val Glu Asn Ala Leu Leu Lys Lys Gly Ser
 85 90 95

Ser Val Ala Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Lys Arg Ile Glu His Leu
 100 105 110

Pro His Leu Ile Ser Asp Ala Thr Tyr Tyr Asn Ser Arg Gln His His
 115 120 125

Tyr Glu Thr Asn Pro Phe His His Gly Lys Ile Thr His Glu Asn Glu
 130 135 140

Ile Thr Thr Arg Asp Pro Lys Asp Ser Leu Phe His Ser Asp Tyr Phe
 145 150 155 160

Tyr Glu Gln Val Leu Tyr Ala Leu Glu Gln Asp Asn Phe Cys Asp Phe
 165 170 175

Glu Ile Gln Leu Glu Ile Leu His Asn Ala Leu His Ser Leu Leu Gly
 180 185 190

Gly Lys Gly Lys Tyr Ser Met Ser Asn Leu Asp Tyr Ala Ala Phe Asp
 195 200 205

Pro Val Phe Phe Leu His His Ala Thr Thr Asp Arg Ile Trp Ala Ile
 210 215 220

Trp Gln Asp Leu Gln Arg Phe Arg Lys Arg Pro Tyr Arg Glu Ala Asn
 225 230 235 240

Cys Ala Ile Gln Leu Met His Thr Pro Leu Gln Pro Phe Asp Lys Ser
 245 250 255
 Asp Asn Asn Asp Glu Ala Thr Lys Thr His Ala Thr Pro His Asp Gly
 260 265 270
 Phe Glu Tyr Gln Asn Ser Phe Gly Tyr Ala Tyr Asp Asn Leu Glu Leu
 275 280 285
 Asn His Tyr Ser Ile Pro Gln Leu Asp His Met Leu Gln Glu Arg Lys
 290 295 300
 Arg His Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu His Asn Ile Gly Thr
 305 310 315 320
 Ser Ala Asp Gly His Val Phe Val Cys Leu Pro Thr Gly Glu His Thr
 325 330 335
 Lys Asp Cys Ser His Glu Ala Gly Met Phe Ser Ile Leu Gly Gly Gln
 340 345 350
 Thr Glu Met Ser Phe Val Phe Asp Arg Leu Tyr Lys Leu Asp Ile Thr
 355 360 365
 Lys Ala Leu Lys Lys Asn Gly Val His Leu Gln Gly Asp Phe Asp Leu
 370 375 380
 Glu Ile Glu Ile Thr Ala Val Asn Gly Ser His Leu Asp Ser His Val
 385 390 395 400
 Ile His Ser Pro Thr Ile Leu Phe Glu Ala Gly
 405 410

<210> 43

<211> 111

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 43

Asp Ser Ala His Thr Asp Asp Gly His Thr Glu Pro Val Met Ile Arg
 1 5 10 15
 Lys Asp Ile Thr Gln Leu Asp Lys Arg Gln Gln Leu Ser Leu Val Lys
 20 25 30
 Ala Leu Glu Ser Met Lys Ala Asp His Ser Ser Asp Gly Phe Gln Ala
 35 40 45
 Ile Ala Ser Phe His Ala Leu Pro Pro Leu Cys Pro Ser Pro Ala Ala
 50 55 60
 Ser Lys Arg Phe Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Thr Phe Pro Gln
 65 70 75 80

40

Trp His Arg Leu Tyr Thr Val Gln Phe Gln Asp Ser Leu Arg Lys His
85 90 95

Gly Ala Val Val Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Leu Pro Arg
100 105 110

<210> 44

<211> 317

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 44

Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Met Pro Met Ser His Leu Pro Glu
1 5 10 15

Leu Ala Thr Ser Glu Thr Tyr Leu Asp Pro Val Thr Gly Glu Thr Lys
20 25 30

Asn Asn Pro Phe His His Ala Gln Val Ala Phe Glu Asn Gly Val Thr
35 40 45

Ser Arg Asn Pro Asp Ala Lys Leu Phe Met Lys Pro Thr Tyr Gly Asp
50 55 60

His Thr Tyr Leu Phe Asp Ser Met Ile Tyr Ala Phe Glu Gln Glu Asp
65 70 75 80

Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Tyr Glu Leu Thr His Asn Ala Ile His
85 90 95

Ala Trp Val Gly Gly Ser Glu Lys Tyr Ser Met Ser Ser Leu His Tyr
100 105 110

Thr Ala Phe Asp Pro Ile Phe Tyr Leu His His Ser Asn Val Asp Arg
115 120 125

Leu Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Ile Arg Arg Gly Lys Ser Tyr
130 135 140

Lys Ala His Cys Ala Ser Ser Gln Glu Arg Glu Pro Leu Lys Pro Phe
145 150 155 160

Ala Phe Ser Ser Pro Leu Asn Asn Asn Glu Lys Thr Tyr His Asn Ser
165 170 175

Val Pro Thr Asn Val Tyr Asp Tyr Val Gly Val Leu His Tyr Arg Tyr
180 185 190

Asp Asp Leu Gln Phe Gly Gly Met Thr Met Ser Glu Leu Glu Glu Tyr
195 200 205

Ile His Lys Gln Thr Gln His Asp Arg Thr Phe Ala Gly Phe Phe Leu
210 215 220

Ser Tyr Ile Gly Thr Ser Ala Ser Val Asp Ile Phe Ile Asn Arg Glu
225 230 235 240

Gly His Asp Lys Tyr Lys Val Gly Ser Phe Val Val Leu Gly Gly Ser
245 250 255

Lys Glu Met Lys Trp Gly Phe Asp Arg Met Tyr Lys Tyr Glu Ile Thr
260 265 270

Glu Ala Leu Lys Thr Leu Asn Val Ala Val Asp Asp Gly Phe Ser Ile
275 280 285

Thr Val Glu Ile Thr Asp Val Asp Gly Ser Pro Pro Ser Ala Asp Leu
290 295 300

Ile Pro Pro Pro Ala Ile Ile Phe Glu Arg Gly His Ala
305 310 315

<210> 45

<211> 411

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 45

Asp Ala Lys Asp Phe Gly His Ser Arg Lys Ile Arg Lys Ala Val Asp
1 5 10 15

Ser Leu Thr Val Glu Glu Gln Thr Ser Leu Arg Arg Ala Met Ala Asp
20 25 30

Leu Gln Asp Asp Lys Thr Ser Gly Gly Phe Gln Gln Ile Ala Ala Phe
35 40 45

His Gly Glu Pro Lys Trp Cys Pro Ser Pro Glu Ala Glu Lys Lys Phe
50 55 60

Ala Cys Cys Val His Gly Met Ala Val Phe Pro His Trp His Arg Leu
65 70 75 80

Leu Thr Val Gln Gly Glu Asn Ala Leu Arg Lys His Gly Phe Thr Gly
85 90 95

Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Arg Ser Met Ser Ala Leu Pro His
100 105 110

Phe Val Ala Asp Pro Thr Tyr Asn Asp Ala Ile Ser Ser Gln Glu Glu
115 120 125

Asp Asn Pro Trp His His Gly His Ile Asp Ser Val Gly His Asp Thr
130 135 140

Thr Arg Asp Val Arg Asp Asp Leu Tyr Gln Ser Pro Gly Phe Gly His
145 150 155 160

Tyr Thr Asp Ile Ala Gln Gln Val Leu Leu Ala Phe Glu Gln Asp Ser
165 170 175

42

Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Ile Ala His Asn Phe Ile His
 180 185 190
 Ala Leu Ile Gly Gly Asn Glu Pro Tyr Ser Met Ser Ser Leu Arg Tyr
 195 200 205
 Thr Thr Tyr Asp Pro Ile Phe Phe Leu His His Ser Ser Thr Asp Arg
 210 215 220
 Leu Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Lys Tyr Arg Gly Lys Pro Tyr
 225 230 235 240
 Asn Thr Ala Asn Cys Ala Ile Ala Ser Met Arg Lys Pro Leu Gln Pro
 245 250 255
 Phe Gly Leu Asp Ser Val Ile Asn Pro Asp Asp Glu Thr Arg Glu His
 260 265 270
 Ser Val Pro Phe Arg Val Phe Asp Tyr Lys Asn Asn Phe Asp Tyr Glu
 275 280 285
 Tyr Glu Ser Leu Ala Phe Asn Gly Leu Ser Ile Ala Gln Leu Asp Arg
 290 295 300
 Glu Leu Gln Arg Arg Lys Ser His Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu
 305 310 315 320
 Leu His Glu Ile Gly Gln Ser Ala Lys His Asn Val Ser Asp Cys Asp
 325 330 335
 His Tyr Ala Gly Glu Phe Tyr Ile Leu Gly Asp Glu Ala Glu Met Pro
 340 345 350
 Trp Arg Tyr Asp Arg Val Tyr Lys Tyr Glu Ile Thr Gln Gln Leu His
 355 360 365
 Asp Leu Asp Leu His Val Gly Asp Asn Phe Phe Leu Lys Tyr Glu Ala
 370 375 380
 Phe Asp Leu Asn Gly Gly Ser Leu Gly Gly Ser Ile Phe Ser Gln Pro
 385 390 395 400
 Ser Val Ile Phe Glu Pro Ala Ala Gly Met Phe
 405 410

<210> 46

<211> 109

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 46

Gly Ser His Gln Ala Asp Glu Tyr Arg Glu Ala Val Thr Ser Ala Ser
 1 5 10 15
 His Ile Arg Lys Asn Ile Arg Asp Leu Ser Glu Gly Glu Ile Glu Ser
 20 25 30

Ile Arg Ser Ala Phe Leu Gln Ile Gln Lys Glu Gly Ile Tyr Glu Asn
 35 40 45

Ile Ala Lys Phe His Gly Lys Pro Gly Leu Cys Glu His Asp Gly His
 50 55 60

Pro Val Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Thr Phe Pro His Trp His
 65 70 75 80

Arg Leu Tyr Val Leu Gln Val Glu Asn Ala Leu Leu Glu Arg Gly Ser
 85 90 95

Ala Val Ala Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Leu Pro Arg
 100 105

<210> 47

<211> 329

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 47

Met Ala Val Phe Pro His Trp His Arg Leu Phe Val Lys Gln Met Glu
 1 5 10 15

Asp Ala Leu Ala Ala His Gly Ala His Ile Gly Ile Pro Tyr Trp Asp
 20 25 30

Trp Thr Ser Ala Phe Ser His Leu Pro Ala Leu Val Thr Asp His Glu
 35 40 45

Asn Asn Pro Phe His His Gly His Ile Gly His Leu Asn Val Asp Thr
 50 55 60

Ser Arg Ser Pro Arg Asp Met Leu Phe Asn Asp Pro Glu Gln Gly Ser
 65 70 75 80

Glu Ser Phe Phe Tyr Arg Gln Val Leu Leu Thr Leu Glu Gln Thr Asp
 85 90 95

Phe Cys Gln Phe Glu Val Gln Phe Glu Leu Thr His Asn Ala Ile His
 100 105 110

Ser Trp Thr Gly Gly His Thr Pro Tyr Gly Met Ser Ser Leu Glu Tyr
 115 120 125

Thr Ala Tyr Asp Pro Leu Phe Tyr Leu His His Ser Asn Thr Asp Arg
 130 135 140

Ile Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Lys Tyr Arg Gly Leu Pro Tyr
 145 150 155 160

Asn Ala Ala His Cys Asp Ile Gln Val Leu Lys Gln Pro Leu Lys Pro
 165 170 175

44

Phe Ser Glu Ser Arg Asn Pro Asn Pro Val Thr Arg Ala Asn Ser Arg
 180 185 190
 Ala Val Asp Ser Phe Asp Tyr Glu Lys Phe Asn Tyr Gln Tyr Asp Thr
 195 200 205
 Leu Thr Phe His Gly Leu Ser Ile Pro Glu Leu Asp Ala Met Leu Gln
 210 215 220
 Glu Arg Lys Lys Glu Glu Arg Thr Phe Ala Ala Phe Leu Leu His Gly
 225 230 235 240
 Phe Gly Ala Ser Ala Asp Val Ser Phe Asp Val Cys Thr Pro Asp Gly
 245 250 255
 His Cys Ala Phe Ala Gly Thr Phe Ala Val Leu Gly Gly Glu Leu Glu
 260 265 270
 Met Pro Trp Ser Phe Glu Arg Leu Phe Arg Tyr Asp Ile Thr Lys Val
 275 280 285
 Leu Lys Gln Met Asn Leu His Tyr Asp Ser Glu Phe His Phe Glu Leu
 290 295 300
 Lys Ile Val Gly Thr Asp Gly Thr Glu Leu Pro Ser Asp Arg Ile Lys
 305 310 315 320
 Ser Pro Thr Ile Glu His His Gly Gly
 325

<210> 48

<211> 103

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 48

Gly His Asp His Ser Glu Arg His Asp Gly Phe Phe Arg Lys Glu Val
 1 5 10 15
 Gly Ser Leu Ser Leu Asp Glu Ala Asn Asp Leu Lys Asn Ala Leu Tyr
 20 25 30
 Lys Leu Gln Asn Asp Gln Gly Pro Asn Gly Tyr Glu Ser Ile Ala Gly
 35 40 45
 Tyr His Gly Tyr Pro Phe Leu Cys Pro Glu His Gly Glu Asp Gln Tyr
 50 55 60
 Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Val Phe Pro His Trp His Arg Leu
 65 70 75 80
 His Thr Ile Gln Phe Glu Arg Ala Leu Lys Glu His Gly Ser His Leu
 85 90 95
 Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp
 100

<210> 49
 <211> 1269
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 49
 ggcttggtca gtttctactc gtcgcccttg tgggtggggc tggagcagac aacgtcgtca 60
 gaaaggacgt gactcacctc acggatgacg aggtgcaagc tctccacggc gccctccatg 120
 acgtcactgc atctacaggc cctctgagtt tcgaagacat aacatcttac catgccgcac 180
 cagcgtcgct gactacaag ggacggaaga tcgcctgctg tgtccacggg atgccagtt 240
 tccccctctc gcacaggcca tatgtcgtcc aagccgagcg ggcaactgtt tccaaacgga 300
 agactgtcgg aatgccttac tgggactgga cgcaaacgct gactcactta ccatctcttg 360
 tgactgaacc catctacatt gacagtaaa ggtgaaaggc tcaaaccaac tactgggtacc 420
 gcggcgagat agcgttcac aataagaaga ctgcgcgagc tgtagatgat cgctattatcg 480
 agaaggtgga gcctgggtcac tacacacatc ttatggagac tgtcctcgac gctctcgaa 540
 aggacgaatt ctgtaaaatt gaaatccagt tcgagttggc tcataatgt atccattact 600
 tggttggcgg taaatttgaa tattcaatgt caaacttgga atacacctcc tacgaccoca 660
 tcttcttctc ccaccactcc aacgttgacc gcctcttcgc catctggcag cgtcttcagg 720
 aactgcgagg aaagaatccc aatgcaatgg actgtgcaca tgaactcgct caccagcaac 780
 tccaaccctt caacagggag agcaatccag tccagctcac aaaggaccac tcgacacctg 840
 ctgacctctt tgattacaaa caacttgat acagctacga cagcttaaac ctgaatggaa 900
 tgacgccaga acagctgaaa acagaactag acgaacgcca ctccaaagaa cgtgcgtttg 960
 caagcttccg actcagtgcc tttgggggtt ctgccaaact tgtgtcttat gcatgtgtcc 1020
 ctgatgatga tccacgcagt gatgactact gcgagaaaag aggcgacttc ttcatctctg 1080
 ggggtcctaa cgaaatgcg tggagattct acagaccctt ctctatgat gtaactgaag 1140
 cggtacatca ccttggagtc ccgctaagtg gccactacta tgtgaaaaca gaactctca 1200
 gcgtgaatgg cacagcactt tcacctgatc ttcttctca accaactggt gccctaccag 1260
 ctgggaaag 1269

<210> 50
 <211> 569
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 50
 ggtcttccgt actgggactg gacgcagcat ctgactcaac tcccagatct ggtgtcagac 60
 cccctgtttg tgaccccgga aggaggaaa gcccattgaca acgcatggta tctgtgaaac 120
 atcaagtttg agaataagaa gactgcaaga gctgttgacg atcgctttt cgagaaggtt 180
 ggaccaggag agaatacccg actctttgaa ggaattctcg atgctcttga acaggatgaa 240
 ttctgcaact tcgagatcca gtttgagttg gctcacaacg ctatccacta cctggttggc 300
 ggccgtcaaca cgtatccatc gtctcatctc gagttaacac ctctcatgac cccctcttct 360
 tcttccatca ctccaacacc ggaaccgcatc ttgcgcatct gggaacgtct tcaggtactc 420
 agaggaaaag accccaacac cgccgactgc gcacacaacc tcatccatga gcccatggaa 480
 ccgttccgtc gggactcgaa cctcttgac ctcaccaggg aaaactccaa accaattgac 540
 agctttgatt atggcccaact tggctacca 569

<210> 51
 <211> 1246
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 51
 gttacagagg ccccgactcc ctctcggat gctcacctcg ccgtcaggaa ggaatcaac 60
 ca:ctgcacac gcgaggaggt gtacgagctg cgcagagcta tggagagatt ccaggccgac 120
 acatccgttg atgggtacca ggctacggtt gagtatcacg gcttacctgc tcgatgtcca 180

ttccccgagg	ccacaaatag	gttcgcctgt	tgcatccacg	gcatggcgac	attccctcat	240
ttggcacagac	ttgtctgtac	ccaggtggaa	gatgctctga	tcaggcgagg	atcgccctata	300
gggggtccctc	actgggagctg	gactcagcct	atggcgcatc	tcccaggagct	tgacagacaac	360
gccacctata	gagatcccat	cagcggggag	agcagacaca	accctctcca	cgatgttgaa	420
gttgcccttg	aaaatggagc	tacagaacgt	caccagata	gtagattgtt	tgaacaacct	480
ttattttgca	aaatcacgcg	tctcttcgac	agtatagtct	atgcttttga	gcaggaggac	540
ttctgcgatt	ttgaagtcca	atttgagatg	accataata	atatccacgc	ctggatttgt	600
ggcggcgaga	agtattccat	gtctctctta	cactacacag	ccttcgaccc	tatctcttac	660
cttcgtcact	ccaacactga	ccggctctgg	gcaatttggc	aagcgttgca	gatacgaaga	720
aacaggcctt	acaaggctca	ttgtgcttgg	tctgaggaa	gccagcctct	caaacctttc	780
gccttcagtt	ccccactgaa	caacaacgaa	aaaacctacg	aaaactcggt	gccccacca	840
gtttacgact	acgaaggagt	ccttggtctat	acttatgatg	acctcaactt	cgggggcatg	900
gacctgggct	agcttgaggga	atacatccag	aggcagagac	agagagacag	gaccttttgt	960
ggtttctctt	gttcacatat	tggtacatca	gcgaattgtg	aaatcattat	agaccattgg	1020
actcttcata	cctccgtggg	cacgtttgtg	gttcttggcg	gagagaagga	gatgaaattg	1080
ggatttgacc	gtttgtacaa	atatgagatt	acagatgaac	tgaggcaact	taattctccg	1140
gctgatgatg	ttttcagcat	ctctgttaaa	gtaactgatg	ttgatggcag	tgagctgtctc	1200
tctgaactca	tcccatctgc	tgctatcatc	ttcgaacgaa	gccata		1246

<210> 52

<211> 1242

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 52

gtccaccatca	ggctgacgag	tacgacgaag	ttgttaactg	tgcaagccac	atcagaaaga	60
attttaaaga	tctgtcaaa	ggagaagtag	agagcctaag	gtctgccttc	ctgcaacttc	120
agaacgacgg	agtcctatgag	aatattgcca	agttccacag	caagcctggg	ttgtgtgatg	180
atgaacgctc	caaggtttgcc	gtgtgtgtcc	atggaatgcc	cacctctccc	cagtgggaca	240
ggctctatgt	cctccaggtg	gagaatgctt	tgctggagag	aggatctgcc	gtctctgtgc	300
catactggga	ctggaactgaa	acattttacag	agctggccatc	tttgatttgt	gaggctacct	360
atttcaattc	ccgtcaacaa	acgtttgacc	ctaactcctt	cttcagaggt	aaaatcagtt	420
ttgagaatgc	tggtacaaca	cgtgatcccc	agcctgagct	gtacgttaac	aggtactact	480
acccaaacgt	catgttggtt	tttgaacagg	acaactactg	cgacttcgag	atacagtttg	540
agatggttca	caatgtttct	catgcttggc	ttggtggaag	agctacttat	tctatttctt	600
ctcttgatta	ttctgcatc	gacctgtgt	ttttccttca	ccatgcgaac	acagatagat	660
tgtgggccat	ctggcaggag	ctgcagaggt	acaggaaaga	gccatacaat	gaagcggatt	720
gtgcccattaa	cctaattgcgc	aaacctctac	atcccttcga	caacagtgat	ctcaatcatg	780
atcctgtaac	ctttaaatat	tcaaaaccca	ctgatggctt	tgacttcagg	aaacaacttg	840
gatacaagta	tgacaacctt	gagttcaact	atttcagtat	tcccaggctt	gaagaaatca	900
ttcgtattag	acaacgtcaa	gatcgtgtgt	ttgcaggatt	cctccttcac	aacattggga	960
catccgcaac	tggttgagata	ttcgtctgtg	ttccctacc	cagcgggtgag	caaaaactgtg	1020
aaaaacaaag	cgggaacattt	gccgtactcg	gaggagaac	agagatggcg	tttcattttg	1080
acagactcta	caggtttgac	atcagtgaaa	cactgaggga	ctccggcata	cagctggaca	1140
gccatgactt	tgacctcagc	atcaagattc	aaggagtaaa	tgatcctac	cttgatccac	1200
acatcctgcc	agagccatcc	ttgaattttg	tgctcgtgtc	aa		1242

<210> 53

<211> 1257

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 53

gttctttctc	gcgtcctgat	gggcattcag	atgacatcct	tgtgagaaaa	gaagtgaaca	60
gcttgacaac	caggggagact	gcattctctga	tccatgctct	gaaaagtatg	caggagaagc	120
attccactga	cgggtttccaa	gccattgcct	ctttccatgc	cttgccacca	ctctcgacct	180
caccatctgc	agctcaccgt	tatgcttgct	gtgtccacgg	catggctaca	tttccccagt	240

```

ggcacagatt gtacactgta cagttccagg atgcactgag gagacatgga gctacggtag 300
gtgtaccgta ttgggattgg ctgcgacggc agtctcacct accagagctt gtcaccatgg 360
agacatacca tgatatttgg agtaacagag atttcccaa tcctttctac caagccaata 420
ttgagtttga aggagaaaac attacaacag agagagaagt cattgcagac aaactttttg 480
tcaaagggtg acacgttttt gataaactgg ttcttcaaac aagccatcct agcgctgagc 540
aggaaaaacta ctgtgacttt gagattcagt ttgaaattct tcaacaacggc gttccacagt 600
gggtcgaggg cagtcgtacc tactctatcg gacatcttca ttacgcattc tacgacctcc 660
ttttctacct tcaccatttc cagacagacc gttttggggc aatctggcaa gaactccagg 720
aacagagagg gctctcgggt gatgaggctc actgtgctct cgagcaaatg agagaacct 780
tgaagccttt cagcttcggc gctccttata actggaatca ctgcacacag gatttctccc 840
gacccgagga caccctcgac tacaggaagt ttggttatga atatgacaat ttgaatttcc 900
tggaatgtc agttctgtgaa ctggatcaat acattattga acatcaagaa aatgatagag 960
tattcgctgg gttcctgttg agtggattcg gaggttccgc atcagttaat ttccagggtt 1020
gtagagctga ttccacatgt caggatgctg ggtacttcac cgttcttggt ggcagtgctg 1080
agatggcgtg ggcatttgac aggcctttaca aatatgacat tactgaaact ctggagaaa 1140
tgcaccttcg atatgatgat gacttcacaa tctctgtcag tctgaacggc aacaacggaa 1200
ctgtcctcag cagcagctca atcccaacac cgagtgtcat attccagcgg ggacatc 1257

```

<210> 54

<211> 1257

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 54

```

attctgccca cacagatgat ggacacactg aaccagtgat gattcgcaaa gatatacac 60
aattggacaa cgtgcaacaa ctgtcactgg tgaagccctc cgagtccatg aaagccagcc 120
attcatctga tgggttccag gcaatcgctt ccttcctcatg tctctcctct ctttctgccat 180
caccagctgc ttcaagagtg ttgctgtct cgtgtccatgg catggcaacg tttcccaaat 240
ggcaccgtct gtacacagtc caattccaa atctctctcag aaaaacttgt cgactcgtgt 300
gacttcogta ctgggactgg acctcacctc gttctgaatt accagagctc ctgaccgtct 360
caactattca tgacccgagg acaggcagag atataccaaa tccatttatt ggttctaaaa 420
tagagtttga aggagaaaac gtacatacta aaagagatat caatagggat cgtctcttcc 480
agggatcaac aaaaacacat cataactggt ttatttgagca agcactgctt gctcttgaac 540
aaaccaacta ctgcgacttc gaggttccag ttgaaattat gcataatggt gttcatacct 600
gggttggagg caaggagccc tatggaattg gccatctgca ttatgcttcc tatgatccac 660
ttttctacat ccatcactcc caaactgctc gtatttgggc tataatggcaa tcggtgcagc 720
gtttcagagg acttcttcga tctgaggcta actgtgtctg aaatctctatg aaaaactctc 780
tgaagccttt cagcttttga gcaccataata atcttaatga tcacacgcat gatttctcaa 840
agcctgaaga tacattcgac taccaaaagt ttggatacat atatgacact ctggaatttg 900
caggggtgctc aatctcgtggc attgaccata ttgtccgtaa caggcaggaa cattcaaggg 960
tctttcggc attcttgcgt gaaggatttg gcacctctgc cactgtcgtat ttccaggctc 1020
gtcgcagcac gggagactgt gaagatgcag cgtgtctgga cgtgttggga ggtgaaaaag 1080
aaatgccttg ggcctttgat cggctttaca agtacgacat aacagaaacc tatgacagaa 1140
tgaacctctg acatgcagaa atcttcaga ttgaagtaac cattacactc tagcagaa 1200
ctgtactcga tagtggcctt attcccacac cgtcaatcat ctatgatcct gctcatc 1257

```

<210> 55

<211> 1254

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 55

```

atgatattag ttgcaccac ctgtcgtctc acaagggttc tcatgatctg agtacactga 60
gtgagcgaga tatgggaagc cttaaatatg ctttgagcag cttgcaggca gataccctag 120
cagatggttt tgcgtccatt gcatccttcc atggtctgcc tgccaaatgt aatgacagcc 180
acaataacga gttggcatgc tgtatccatg gaatgcctac attccccac tggcacagac 240
tctacacctt ccaatttgag caagctctaa gaagacatgg ctctagtgtg gcagtcacct 300

```

actgggactg	gacaaagcca	atacataata	tccacatct	gttcacagac	aaagaatact	360
acgatgtctg	gagaaataaa	gtaatgccaa	atccatttgc	ccgagggtat	gtcccctcac	420
acgatataca	cacggtaaga	gacgtccaag	aaggcctgtt	ccacctgaca	tcaacgggtg	480
aacactcagc	gcttctgaat	caagctcttt	tggcgctgga	acagcacgac	tactgcgatt	540
ttgcagtcca	gtttgaagtc	atgcacaaca	caatccatta	cctagtggga	ggacctcaag	600
tctattcttt	gtcattccctt	cattatgctt	catatgatcc	gatcttcttc	atacaccact	660
cctttgtaga	caaggtttgg	gctgtctggc	aggctcttca	agaaaaagaga	ggccttccat	720
cagaccgtgc	tgaactgcgt	gttagtctga	tgaactcaga	catgaggcct	ttccattacg	780
aaattaaccca	taaccagttc	accaagaaac	atgcagtccc	aaatgatgtt	ttcaagtacg	840
aaactcctgg	ttacagatac	gacaatctgg	aaatcgggtg	catgaatttg	catgaaattg	900
aaaaagaaat	caaaagacaaa	cagcaccatg	tgagagtgtt	tgcagggttc	ctctcttcacg	960
gaattagAAC	ctcagctgat	gtccaattcc	agatttgtaa	aacatcagaa	gattgtcacc	1020
atggaggcca	aatcttcgtt	cttgggggga	ctaaagagat	ggcctgggct	tataaccgtt	1080
tattcaagta	cgaattacc	catgctcttc	atgacgcaca	catcactcca	gaagacgtat	1140
ttccatccctc	tgaaccattc	ttcatcaagg	tgtcagtgc	agccgtcaac	ggaacagttc	1200
ttccggcttc	aatcttgc	gcaccaacca	ttatctatga	acctgtgttc	ggtg	1254

<210> 56

<211> 509

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 56

accatcacga	agatcatcat	tcttcttcta	tggctggaca	tggtgtcaga	aaggaaatca	60
acacacttac	cactgcagag	gtggacaatc	tcaaagatgc	catgagagcc	gtcatggcag	120
accacggcttc	aaatggatc	caggctatag	cagcgttcca	tggaacccca	ccaatgtgcc	180
ctatgccaga	tggaaagaat	tactcgtgtt	gtcacacatg	gattgctact	ttccccact	240
ggccacagat	gtacacaaa	cagatggaag	atgccttgac	cgcccatgtt	gccagatgct	300
gccttctcta	ctgggacggg	acaactgcct	ttacagcttt	gccacttttt	gtccacagat	360
aagaggacaa	tcctttccat	catggtcaca	tagactattt	gggagtggat	acaactcggg	420
gcgcccgaga	caagttgttc	aatgatccag	agcgaggatc	agaatcggtc	ttctacaggc	480
aggcttctctt	ggctttggag	cagacagat				509

<210> 57

<211> 943

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 57

ggcctgcctt	actgggattg	gaccatgcca	atgagtcatt	tgccagaact	ggctacaagt	60
gagacctacc	tcgatccagt	tactggggaa	actaaaaaca	accctttcca	tcacgcccac	120
gtggcggttg	aaaatgggtg	aacaagcagg	aatcctgatg	ccaaactttt	tatgaaacca	180
acttacggag	accacactta	cctcttcgac	agcatgatct	acgcatattg	gcaggaagac	240
ttcttcagct	ttgaagttca	atatgagctc	acgcataatg	caatcacatg	atggggttga	300
ggcagtgaaa	agtattcaat	gtcttctctt	cactacactg	cttttgatcc	tatattttac	360
ctccactcct	caaatgttga	tcgtctctgg	gccatttggc	aagctcttca	aatcaggaga	420
ggcaagtctt	acaagggcca	ctgcgcctcg	tctcaagaaa	gagaaccatt	aaagcctttt	480
gcttaccagt	ccccactgaa	caacaaacag	aaaacgtacc	acaactctgt	ccccactaac	540
gtttatgact	atgtgggagt	tttgcactat	cgatatgatg	accttcagtt	tgggcggtatg	600
accatgtcag	aacttgaggga	atatattcac	aagcagacag	aacatgatag	aaacctttga	660
ggattctctc	tttcatatat	tggaaacatca	gcaagcgtag	atatcttcat	aatcaggaga	720
ggtcatgata	aatacaaaagt	gggaaagttt	gtagtacttg	gtggatccaa	agaaatgaaa	780
tggggctttg	atagaatgta	caagtatgag	atcactgagg	ctctgaagag	gctgaatggt	840
gcagtggtag	atgggttcag	cattactgtg	gagatcacgg	atgttgatgg	atctccccca	900
tctgcagatc	tcattccacc	tcctgctata	atctttgaac	gtg		943

<210> 58
 <211> 1248
 <212> DNA
 <213> *Megathura crenulata*

<400> 58
 ctgatgccaa agactttggc catagcagaa aaatcaggaa agccgttgat tctctgacag 60
 tcgaagaaca aacttcgttg aggcgagcta tggcagatct acaggacgac aaaacatcag 120
 ggggtttcca gcagatgca gcatccacag gagaaccaa atgggtgtcca agccccgaag 180
 cggagaaaaa atttgcattg tgtgttcatt gaatggctgt ttcccctcac tggcacagat 240
 tgctgcacgt tcaaggagaa aatgctctga ggaacatcgt ctttacttgg ggactgcct 300
 actgggactg gactcgatca atgagcgccc tccacattt tgttgctgat cctacttaca 360
 atgatgctat ttccagccag gaagaagata acccatggca tcatgttcac atagactctg 420
 ttgggcatga tactacaaga gatgtgcgtg atgatcttta tcaatctcct ggtttcgtg 480
 actacacaga tattgcaaaa caagtccttc tggcctttga gcaggacgat ttctgtgatt 540
 ttgaggtaca atttgaattt gcccataatt tcatacatgc tctgggttgg ggtaacgaac 600
 catacagtat gtcatctttt aggtatacta catcagatcc aatcttcttc ttgcaccgt 660
 ccaatacaga ccgacttttg gccattttggc aagcttttga aaaataccgg gggaaaccat 720
 acaacactgc aaactgtgccc attgcatcca tgagaaaacc acttcagcca ttgggtcttg 780
 atagtgtcat aaatccagat gacgaaactc gtgaacattc ggttctcttc cgagtcttcg 840
 actacaagaa caacttcgac tatgagtatg agagcctggc atttaattgt ctgtctattg 900
 cccaactgga ccgagagtgt cagagaagaa agtcacatga cagagctctt gcaggattcc 960
 ttcttcatga aattggacag tctgcactcg tgaatttcta cgtttgcaaa cacaatgtat 1020
 ctgactgtga cattattgct ggagaattct acattttggg agatgaagct gagatgcctt 1080
 ggaggtatga cgtgtgttac aagtacgaga taacacagca gctgcacgat ttagatctac 1140
 atgttgagaa taattttctc cttaaatatg aagcctttga tctgaatggc ggaagtcttg 1200
 gtggaagtat cttttctcag ccttcggtag ttttcgagcc agctgcag 1248

<210> 59
 <211> 1257
 <212> DNA
 <213> *Megathura crenulata*

<400> 59
 gttcacacca ggctgatgaa tatcgtgagg cagtaacaag cgctagccac atagaaaaaa 60
 atatccggga cctctcagag ggagaaattg agagcatcag atctgcttcc ttccaaattc 120
 aaaaagaggg tatatatgaa aacattgcaaa agttccatgg aaacacagga ctttgtgaac 180
 atgatggaca tcttgttgct tgttgtgtcc atggcatgcc cacctttccc ctctggcaca 240
 gactgtacgt tcttcagtg gagaatgcgc tcttagaacg agggcttgca gttgtctgtc 300
 cttactggga ctggaccgag aaagctgact cctgtccatc attaatcaat gatgcaactt 360
 atttcaattc acgatccagc acctttgatc ctaattcctt cttaagggga catatgtcct 420
 tctgagaatgc tgtgacttcc agagatccct agccagaact atgggacaat aaggacttct 480
 acgagaatgt catcgttgct cttgagcaag acaacttctg tgactttgag attcagcttg 540
 agctgtacgt caatctagac ttggaggaag tggcaataac tccctttcgt 600
 ctcttgatta taccgcattt gatcctgtat ttttcttcca ccatgcaaac gttgacagaa 660
 tctggggcat ctggcaggag ttgcagagat atagaagaa accatacaat gaggctgact 720
 gcgcagtcga cgagatgcgt aaacctcttc aaccttttaa taaccagaa gtttaacagt 780
 atttccatgac gcttaaacac aacctcccac aagacagttt tgattatcaa aaccgcttca 840
 ggtaccaata tgataacct caatttaacc acttcagcat acaaaagcta gaccaacta 900
 ttcaggctag aaaaacacac gacagagttt ttgtggtctt tattcttcac aacattggga 960
 catctgctgt tgtagatat tatatttgcg ttgaacaagg aggagaacaa acttgcaaga 1020
 caaaggcggg ttcttccagc attctggggg gagaacacaga aatgccattc cactttgacc 1080
 gcttgtacaa atttgacata acgtctgtct tgcataaact tgggtgtccc ttggacggag 1140
 gtgattcga catcaaaagt gacgtcacag ctgtcatagg atcgcattct gatcaacaga 1200
 tcctcaacga accgagtcgt ctttttgttc ctgttgaacc taagaatata tattatg 1257

<210> 60
 <211> 1239
 <212> DNA
 <213> *Megathura crenulata*

<400> 60
 atgggctttc acaacataat cttgtgcgaa aagaagtaag ctctcttaca acactggaga 60
 aacatttttt gaggaaagct ctcaagaaca tgcaagcaga tgattctcca gacggatattc 120
 aagctattgc tctcttcac gctttgcctc ctctttgtcc aagtccatct gctgcacata 180
 gacacgtttg ttgctcccat ggtatggcta ccttccctca gttggacaga ctctacacag 240
 ttcatgttga agattctttg aaacgacatg gttctattgt cggacttcca tattgggatt 300
 ggctgaaacc gcagctctga ctccctgatt tggtagacac ggagacatac gaccactgt 360
 tttcacacaa aaccttccca aatccgttcc tcaaggcaaa tatagaattt gagggagagg 420
 gagtaacaac agagaggat gttgatgctg aacactctt tgcaaaagga aatctggtt 480
 acaacaactg gttttgcaat caggcactat atgcactaga acaagaaaat tactgtgact 540
 ttgaaatata gttcgaaatt ttgcataatg gaattcattc atgggttggg ggatcaaaga 600
 ccattcaat aggtcatctt cattacgcat catacgatcc actgttctat atccaccatt 660
 cgagacaga tcgcatgttg gctatctggc aagctctcca ggagcacaga ggtctttcag 720
 ggaaaggaag acactgcgcc ctggagcaaa tgaaagacc tctcaaacct ttcagctttg 780
 gaagtcctta taatttgaa aaacgcactc aagagttctc caagcctgaa gacacatttg 840
 attatcaccg attcgggtat gagtatgatt cctctgaatt tgttggcatg tctgtttcaa 900
 gtttataata ctatataaaa caacaacagg aagctgatag agctctcgca ggattctctc 960
 ttaaggatt tggaacatca gcatccgat ctgttgatat ctgcagacca gaccagagtt 1020
 gccaaagagc tggatacttc ttcagttctc agaaatggcg tggcagtttg 1080
 acaggcttta caagtacgac attacaaaaa cgttgaaaga catgaaactg cgatacgtg 1140
 acacatttac catcaaggtt cacataaagg atatagctgg agctgagttg gacagcgatc 1200
 tgattccaac tctctctgtt ctcttgaag aaggaaagc 1239

<210> 61
 <211> 1251
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 61
 atgggatcaa tgtacgtcac gttggtcgta atcggattcg tatggaacta tctgaaacta 60
 ccgagagaga tctcgccacg ctgaaatctg caatgaggtc tctacaagct gacgatgggg 120
 tgaacggtta tcaagccatt gcattcattcc acggtctccc ggctctttgt ctgcatgattg 180
 agggacatga gattgctcgt tgtatccacg gaatgcaggt attccacacg catgacaggc 240
 tttcacacct gcaaatggac atggctctgt tatctcacgg atctgtggtt gctattccat 300
 actgggactg gaccaaactc atcagcaaac tgcctgatct ctccacagg cctaataatt 360
 acgatccttg gagggatgca gttgtcaata atccatttgc taaaggctac attaaatccg 420
 aggaacgtta cacggttagg gatcctcagg acattttgta ccacttgcag gacgaacagg 480
 gaacatctgt tttgttagat caaactcttt tagccttaga gcagacagat tctgtgatt 540
 ttgaggttca atttgaggtc gtccataatg ctattcacta cttggtgggt ggtcgacaag 600
 tttatgctct tctctctcaa cactatgctt catatgacc agcctctttt attcatcact 660
 cctttgttga caaaatatgg gcagctctggc aagctctgca aaagaagaga aagcgtccct 720
 atcataaagc ggaattgtgt ctttaacatga tgaccaaac aatgcgacca tttgcacagg 780
 atttcaatca caatggattc acaaaaatgc acgcagctcc caacactcta tttgactttc 840
 aggaaccttt ctacacgtat gacaacttag aaattgctgg catgaatgtt aatcagtttg 900
 aagcggaaat caaccggcga aaaaagccaa caagagtcct tgcggggttc cttctacatg 960
 gcattggaag atcagctgat gtacgatttt ggatttgcaa gacagctgac gactgccacg 1020
 catctggcat gatctttatc ttaggagggt ctaaagagat gcactgggct tatgacagga 1080
 acttttaata gcacataacc caagctttga aggtctcagt catcacacct gaagatgtgt 1140
 ttgacactga tgcctctttc ttcattaaag tggaggtcca tgggtgtaaa aagactgctc 1200
 tcccatcttc agctatccca gcacctacta taacttactc agctggtgaa g 1251

<210> 62
 <211> 1185
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 62
 atcatattgc tggcagtgga gtcaggaaag acgtgacgtc tcttaccgca tctgagatag 60
 agaacctgag gcatgctctg caaagcgtga tggatgatga tggacccaat ggattccagg 120
 caattgctgc ttatcacgga agtcctccca tgtgtcacat gcntgatggt agagacgttg 180
 catgttgtag tcatggaatg gcatctttcc ctcactggca cagactgttt gtgaaacaga 240
 tggaggatgc actggctcgc catggagctc acattggcat accatactgg gattggacaa 300
 gtgcgtttag tcatctgcct gccctagtga ctgaccacga gcacaatccc ttccaccacg 360
 gacattatgc tcatcggaat gtggatacat ctcgatctcc gagagacatg ctgttcaatg 420
 accccgaaca cgggtcagaa tcattcttct atagacaggt tctcttggtc ctagaacaga 480
 cagactctgc ccaatttgaa gttcagtttg aaataacaca caatgcaatc cactcttgga 540
 ctggaggaca tactccatcat ggaatgtcat cactggaata tacagcatat gatccactct 600
 tttatctcca ccattccaac actgatcgta tctgggccat ctggcaggca ctccagaaat 660
 acagaggttt tcaatacaac gcagctcatt gogatatcca ggttctgaaa caaccttcta 720
 aaccattcag cgagtcagg aatccaaacc cagtcaccag agccaattct agggcagtcg 780
 attcatttga ttatgagaga ctcaattatc aatatgacac acttaccttc cacggacatt 840
 ctatctcaga acctgatgcc atgcttcaag agagaaagaa ggaagagaga acatttgacg 900
 ccttctgttt gcacggattt ggccgccagt ctgatgttct gtttgatgtc tgcacacctg 960
 atggtcattg tgcttctgct ggaaccttcg cgggtacttg tggggagcct gagatgcctt 1020
 ggtccttttg taagcttttc cgttacgata tcacaaaggt tctcaacgag tgaatcttc 1080
 actatgattc tgagtccac tttgagttga agattgttg cacagatgga acagaactgc 1140
 catcggatcg tatcaagagc cctaccattg aacaccatgg aggag 1185

<210> 63
 <211> 422
 <212> PRT
 <213> *Haliotis tuberculata*

<220>
 <221> SIGNAL
 <222> (1)..(15)

<400> 63
 Leu Val Gln Phe Leu Leu Val Ala Leu Val Val Gly Ala Gly Ala Asp
 1 5 10 15
 Asn Val Val Arg Lys Asp Val Ser His Leu Thr Asp Asp Glu Val Gln
 20 25 30
 Ala Leu His Gly Ala Leu His Asp Val Thr Ala Ser Thr Gly Pro Leu
 35 40 45
 Ser Phe Glu Asp Ile Thr Ser Tyr His Ala Ala Pro Ala Ser Cys Asp
 50 55 60
 Tyr Lys Gly Arg Lys Ile Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Ser Phe
 65 70 75 80
 Pro Phe Trp His Arg Ala Tyr Val Val Gln Ala Glu Arg Ala Leu Leu
 85 90 95
 Ser Lys Arg Lys Thr Val Gly Met Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Gln Thr
 100 105 110

Leu Thr His Leu Pro Ser Leu Val Thr Glu Pro Ile Tyr Ile Asp Ser
 115 120 125
 Lys Gly Gly Lys Ala Gln Thr Asn Tyr Trp Tyr Arg Gly Glu Ile Ala
 130 135 140
 Phe Ile Asn Lys Lys Thr Ala Arg Ala Val Asp Asp Arg Leu Phe Glu
 145 150 155 160
 Lys Val Glu Pro Gly His Tyr Thr His Leu Met Glu Thr Val Leu Asp
 165 170 175
 Ala Leu Glu Gln Asp Glu Phe Cys Lys Phe Glu Ile Gln Phe Glu Leu
 180 185 190
 Ala His Asn Ala Ile His Tyr Leu Val Gly Gly Lys Phe Glu Tyr Ser
 195 200 205
 Met Ser Asn Leu Glu Tyr Thr Ser Tyr Asp Pro Ile Phe Phe Leu His
 210 215 220
 His Ser Asn Val Asp Arg Leu Phe Ala Ile Trp Gln Arg Leu Gln Glu
 225 230 235 240
 Leu Arg Gly Lys Asn Pro Asn Ala Met Asp Cys Ala His Glu Leu Ala
 245 250 255
 His Gln Gln Leu Gln Pro Phe Asn Arg Asp Ser Asn Pro Val Gln Leu
 260 265 270
 Thr Lys Asp His Ser Thr Pro Ala Asp Leu Phe Asp Tyr Lys Gln Leu
 275 280 285
 Gly Tyr Ser Tyr Asp Ser Leu Asn Leu Asn Gly Met Thr Pro Glu Gln
 290 295 300
 Leu Lys Thr Glu Leu Asp Glu Arg His Ser Lys Glu Arg Ala Phe Ala
 305 310 315 320
 Ser Phe Arg Leu Ser Gly Phe Gly Gly Ser Ala Asn Val Val Tyr
 325 330 335
 Ala Cys Val Pro Asp Asp Asp Pro Arg Ser Asp Asp Tyr Cys Glu Lys
 340 345 350
 Ala Gly Asp Phe Phe Ile Leu Gly Gly Gln Ser Glu Met Pro Trp Arg
 355 360 365
 Phe Tyr Arg Pro Phe Phe Tyr Asp Val Thr Glu Ala Val His His Leu
 370 375 380
 Gly Val Pro Leu Ser Gly His Tyr Tyr Val Lys Thr Glu Leu Phe Ser
 385 390 395 400
 Val Asn Gly Thr Ala Leu Ser Pro Asp Leu Leu Pro Gln Pro Thr Val
 405 410 415

Ala Tyr Arg Pro Gly Lys
420

<210> 64

<211> 511

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 64

Val His Arg Gly Gly Asn His Glu Asp Glu His His Asp Asp Arg Leu
1 5 10 15

Ala Asp Val Leu Ile Arg Lys Glu Val Asp Phe Leu Ser Leu Gln Glu
20 25 30

Ala Asn Ala Ile Lys Asp Ala Leu Tyr Lys Leu Gln Asn Asp Asp Ser
35 40 45

Lys Gly Gly Phe Glu Ala Ile Ala Gly Tyr His Gly Tyr Pro Asn Met
50 55 60

Cys Pro Glu Arg Gly Thr Asp Lys Tyr Pro Cys Cys Val His Gly Met
65 70 75 80

Pro Val Phe Pro His Trp His Arg Leu His Thr Ile Gln Met Glu Arg
85 90 95

Ala Leu Lys Asn His Gly Ser Pro Met Gly Ile Pro Tyr Trp Asp Trp
100 105 110

Thr Lys Lys Met Ser Ser Leu Pro Ser Phe Phe Gly Asp Ser Ser Asn
115 120 125

Asn Asn Pro Phe Tyr Lys Tyr Tyr Ile Arg Gly Val Gln His Glu Thr
130 135 140

Thr Arg Asp Val Asn Gln Arg Leu Phe Asn Gln Thr Lys Phe Gly Glu
145 150 155 160

Phe Asp Tyr Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Gln Val Leu Glu Glu Asn Ser
165 170 175

Tyr Cys Asp Phe Glu Val Gln Tyr Glu Ile Leu His Asn Ala Val His
180 185 190

Ser Trp Leu Gly Gly Thr Gly Gln Tyr Ser Met Ser Thr Leu Glu His
195 200 205

Ser Ala Phe Asp Pro Val Phe Met Ile His His Ser Ser Leu Asp Arg
210 215 220

Ile Trp Ile Leu Trp Gln Lys Leu Gln Lys Ile Arg Met Lys Pro Tyr
225 230 235 240

54

Tyr Ala Leu Asp Cys Ala Gly Asp Arg Leu Met Lys Asp Pro Leu His
 245 250 255
 Pro Phe Asn Tyr Glu Thr Val Asn Glu Asp Glu Phe Thr Arg Ile Asn
 260 265 270
 Ser Phe Pro Ser Ile Leu Phe Asp His Tyr Arg Phe Asn Tyr Glu Tyr
 275 280 285
 Asp Asn Met Arg Ile Arg Gly Gln Asp Ile His Glu Leu Glu Glu Val
 290 295 300
 Ile Gln Glu Leu Arg Asn Lys Asp Arg Ile Phe Ala Gly Phe Val Leu
 305 310 315 320
 Ser Gly Leu Arg Ile Ser Ala Thr Val Lys Val Phe Ile His Ser Lys
 325 330 335
 Asn Asp Thr Ser His Glu Glu Tyr Ala Gly Glu Phe Ala Val Leu Gly
 340 345 350
 Gly Glu Lys Glu Met Pro Trp Ala Tyr Glu Arg Met Leu Lys Leu Asp
 355 360 365
 Ile Ser Asp Ala Val His Lys Leu His Val Lys Asp Glu Asp Ile Arg
 370 375 380
 Phe Arg Val Val Val Thr Ala Tyr Asn Gly Asp Val Val Thr Thr Arg
 385 390 395 400
 Leu Ser Gln Pro Phe Ile Val His Arg Pro Ala His Val Ala His Asp
 405 410 415
 Ile Leu Val Ile Pro Val Gly Ala Gly His Asp Leu Pro Pro Lys Val
 420 425 430
 Val Val Lys Ser Gly Thr Lys Val Glu Phe Thr Pro Ile Asp Ser Ser
 435 440 445
 Val Asn Lys Ala Met Val Glu Leu Gly Ser Tyr Thr Ala Met Ala Lys
 450 455 460
 Cys Ile Val Pro Pro Phe Ser Tyr His Gly Phe Glu Leu Asp Lys Val
 465 470 475 480
 Tyr Ser Val Asp His Gly Asp Tyr Tyr Ile Ala Ala Gly Thr His Ala
 485 490 495
 Leu Cys Glu Gln Asn Leu Arg Leu His Ile His Val Glu His Glu
 500 505 510

<210> 65

<211> 197

<212> PRT

<213> Haliotis tuberculata

55

<400> 65

Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Gln His Leu Thr Gln Leu Pro Asp
 1 5 10 15
 Leu Val Ser Asp Pro Leu Phe Val Asp Pro Glu Gly Gly Lys Ala His
 20 25 30
 Asp Asn Ala Trp Tyr Arg Gly Asn Ile Lys Phe Glu Asn Lys Lys Thr
 35 40 45
 Ala Arg Ala Val Asp Asp Arg Leu Phe Glu Lys Val Gly Pro Gly Glu
 50 55 60
 Asn Thr Arg Leu Phe Glu Gly Ile Leu Asp Ala Leu Glu Gln Asp Glu
 65 70 75 80
 Phe Cys Asn Phe Glu Ile Gln Phe Glu Leu Ala His Asn Ala Ile His
 85 90 95
 Tyr Leu Val Gly Gly Arg His Thr Tyr Ser Met Ser His Leu Glu Tyr
 100 105 110
 Thr Ser Tyr Asp Pro Leu Phe Phe Leu His His Ser Asn Pro Asp Arg
 115 120 125
 Ile Phe Ala Ile Trp Glu Arg Leu Gln Val Leu Arg Gly Lys Asp Pro
 130 135 140
 Asn Thr Ala Asp Cys Ala His Asn Leu Ile His Glu Pro Met Glu Pro
 145 150 155 160
 Phe Arg Arg His Glu Pro Met Glu Pro Phe Arg Arg Asp Ser Asn Pro
 165 170 175
 Leu Asp Leu Thr Arg Glu Asn Ser Lys Pro Ile Asp Ser Phe Asp Tyr
 180 185 190
 Ala His Leu Gly Tyr
 195

<210> 66

<211> 415

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 66

Val Thr Glu Ala Pro Ala Pro Ser Ser Asp Ala His Leu Ala Val Arg
 1 5 10 15
 Lys Asp Ile Asn His Leu Thr Arg Glu Glu Val Tyr Glu Leu Arg Arg
 20 25 30
 Ala Met Glu Arg Phe Gln Ala Asp Thr Ser Val Asp Gly Tyr Gln Ala
 35 40 45

Thr Val Glu Tyr His Gly Leu Pro Ala Arg Cys Pro Phe Pro Glu Ala
 50 55 60
 Thr Asn Arg Phe Ala Cys Cys Ile His Gly Met Ala Thr Phe Pro His
 65 70 75 80
 Trp His Arg Leu Phe Val Thr Gln Val Glu Asp Ala Leu Ile Arg Arg
 85 90 95
 Gly Ser Pro Ile Gly Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Gln Pro Met Ala
 100 105 110
 His Leu Pro Gly Leu Ala Asp Asn Ala Thr Tyr Arg Asp Pro Ile Ser
 115 120 125
 Gly Asp Ser Arg His Asn Pro Phe His Asp Val Glu Val Ala Phe Glu
 130 135 140
 Asn Gly Arg Thr Glu Arg His Pro Asp Ser Arg Leu Phe Glu Gln Pro
 145 150 155 160
 Leu Phe Gly Lys His Thr Arg Leu Phe Asp Ser Ile Val Tyr Ala Phe
 165 170 175
 Glu Gln Glu Asp Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Met Thr His
 180 185 190
 Asn Asn Ile His Ala Trp Ile Gly Gly Glu Lys Tyr Ser Met Ser
 195 200 205
 Ser Leu His Tyr Thr Ala Phe Asp Pro Ile Phe Tyr Leu Arg His Ser
 210 215 220
 Asn Thr Asp Arg Leu Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Ile Arg Arg
 225 230 235 240
 Asn Arg Pro Tyr Lys Ala His Cys Ala Trp Ser Glu Glu Arg Gln Pro
 245 250 255
 Leu Lys Pro Phe Ala Phe Ser Ser Pro Leu Asn Asn Asn Glu Lys Thr
 260 265 270
 Tyr Glu Asn Ser Val Pro Thr Asn Val Tyr Asp Tyr Glu Gly Val Leu
 275 280 285
 Gly Tyr Thr Tyr Asp Asp Leu Asn Phe Gly Gly Met Asp Leu Gly Gln
 290 295 300
 Leu Glu Glu Tyr Ile Gln Arg Gln Arg Gln Arg Asp Arg Thr Phe Ala
 305 310 315 320
 Gly Phe Phe Leu Ser His Ile Gly Thr Ser Ala Asn Val Glu Ile Ile
 325 330 335
 Ile Asp His Gly Thr Leu His Thr Ser Val Gly Thr Phe Ala Val Leu
 340 345 350

57

Gly Gly Glu Lys Glu Met Lys Trp Gly Phe Asp Arg Leu Tyr Lys Tyr
 355 360 365

Glu Ile Thr Asp Glu Leu Arg Gln Leu Asn Leu Arg Ala Asp Asp Val
 370 375 380

Phe Ser Ile Ser Val Lys Val Thr Asp Val Asp Gly Ser Glu Leu Ser
 385 390 395 400

Ser Glu Leu Ile Pro Ser Ala Ala Ile Ile Phe Glu Arg Ser His
 405 410 415

<210> 67

<211> 414

<212> PRT

<213> Haliotis tuberculata

<400> 67

Gly His His Gln Ala Asp Glu Tyr Asp Glu Val Val Thr Ala Ala Ser
 1 5 10 15

His Ile Arg Lys Asn Leu Lys Asp Leu Ser Lys Gly Glu Val Glu Ser
 20 25 30

Leu Arg Ser Ala Phe Leu Gln Leu Gln Asn Asp Gly Val Tyr Glu Asn
 35 40 45

Ile Ala Lys Phe His Gly Lys Pro Gly Leu Cys Asp Asp Asn Gly Arg
 50 55 60

Lys Val Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Thr Phe Pro Gln Trp His
 65 70 75 80

Arg Leu Tyr Val Leu Gln Val Glu Asn Ala Leu Leu Glu Arg Gly Ser
 85 90 95

Ala Val Ser Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Glu Thr Phe Thr Glu Leu
 100 105 110

Pro Ser Leu Ile Ala Glu Ala Thr Tyr Phe Asn Ser Arg Gln Gln Thr
 115 120 125

Phe Asp Pro Asn Pro Phe Phe Arg Gly Lys Ile Ser Phe Glu Asn Ala
 130 135 140

Val Thr Thr Arg Asp Pro Gln Pro Glu Leu Tyr Val Asn Arg Tyr Tyr
 145 150 155 160

Tyr Gln Asn Val Met Leu Val Phe Glu Gln Asp Asn Tyr Cys Asp Phe
 165 170 175

Glu Ile Gln Phe Glu Met Val His Asn Val Leu His Ala Trp Leu Gly
 180 185 190

Gly Arg Ala Thr Tyr Ser Ile Ser Ser Leu Asp Tyr Ser Ala Phe Asp
 195 200 205

Pro Val Phe Phe Leu His His Ala Asn Thr Asp Arg Leu Trp Ala Ile
 210 215 220
 Trp Gln Glu Leu Gln Arg Tyr Arg Lys Lys Pro Tyr Asn Glu Ala Asp
 225 230 235 240
 Cys Ala Ile Asn Leu Met Arg Lys Pro Leu His Pro Phe Asp Asn Ser
 245 250 255
 Asp Leu Asn His Asp Pro Val Thr Phe Lys Tyr Ser Lys Pro Thr Asp
 260 265 270
 Gly Phe Asp Tyr Gln Asn Asn Phe Gly Tyr Lys Tyr Asp Asn Leu Glu
 275 280 285
 Phe Asn His Phe Ser Ile Pro Arg Leu Glu Glu Ile Ile Arg Ile Arg
 290 295 300
 Gln Arg Gln Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu His Asn Ile Gly
 305 310 315 320
 Thr Ser Ala Thr Val Glu Ile Phe Val Cys Val Pro Thr Thr Ser Gly
 325 330 335
 Glu Gln Asn Cys Glu Asn Lys Ala Gly Thr Phe Ala Val Leu Gly Gly
 340 345 350
 Glu Thr Glu Met Ala Phe His Phe Asp Arg Leu Tyr Arg Phe Asp Ile
 355 360 365
 Ser Glu Thr Leu Arg Asp Leu Gly Ile Gln Leu Asp Ser His Asp Phe
 370 375 380
 Asp Leu Ser Ile Lys Ile Gln Gly Val Asn Gly Ser Tyr Leu Asp Pro
 385 390 395 400
 His Ile Leu Pro Glu Pro Ser Leu Ile Phe Val Pro Gly Ser
 405 410

<210> 68

<211> 419

<212> PRT

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 68

Ser Ser Phe Leu Arg Pro Asp Gly His Ser Asp Asp Ile Leu Val Arg
 1 5 10 15
 Lys Glu Val Asn Ser Leu Thr Thr Arg Glu Thr Ala Ser Leu Ile His
 20 25 30
 Ala Leu Lys Ser Met Gln Glu Asp His Ser Pro Asp Gly Phe Gln Ala
 35 40 45

Ile Ala Ser Phe His Ala Leu Pro Pro Leu Cys Pro Ser Pro Ser Ala
 50 55 60
 Ala His Arg Tyr Ala Cys Cys Val His Gly Met Ala Thr Phe Pro Gln
 65 70 75 80
 Trp His Arg Leu Tyr Thr Val Gln Phe Gln Asp Ala Leu Arg Arg His
 85 90 95
 Gly Ala Thr Val Gly Val Pro Tyr Trp Asp Trp Leu Arg Pro Gln Ser
 100 105 110
 His Leu Pro Glu Leu Val Thr Met Glu Thr Tyr His Asp Ile Trp Ser
 115 120 125
 Asn Arg Asp Phe Pro Asn Pro Phe Tyr Gln Ala Asn Ile Glu Phe Glu
 130 135 140
 Gly Glu Asn Ile Thr Thr Glu Arg Glu Val Ile Ala Asp Lys Leu Phe
 145 150 155 160
 Val Lys Gly Gly His Val Phe Asp Lys Leu Val Leu Gln Thr Ser His
 165 170 175
 Pro Ser Ala Glu Gln Glu Asn Tyr Cys Asp Phe Glu Ile Gln Phe Glu
 180 185 190
 Ile Leu His Asn Gly Val His Thr Trp Val Gly Gly Ser Arg Thr Tyr
 195 200 205
 Ser Ile Gly His Leu His Tyr Ala Phe Tyr Asp Pro Leu Phe Tyr Leu
 210 215 220
 His His Phe Gln Thr Asp Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Glu Leu Gln
 225 230 235 240
 Glu Gln Arg Gly Leu Ser Gly Asp Glu Ala His Cys Ala Leu Glu Gln
 245 250 255
 Met Arg Glu Pro Leu Lys Pro Phe Ser Phe Gly Ala Pro Tyr Asn Trp
 260 265 270
 Asn Gln Leu Thr Gln Asp Phe Ser Arg Pro Glu Asp Thr Phe Asp Tyr
 275 280 285
 Arg Lys Phe Gly Tyr Glu Tyr Asp Asn Leu Glu Phe Leu Gly Met Ser
 290 295 300
 Val Ala Glu Leu Asp Gln Tyr Ile Ile Glu His Gln Glu Asn Asp Arg
 305 310 315 320
 Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu Ser Gly Phe Gly Gly Ser Ala Ser Val
 325 330 335
 Asn Phe Gln Val Cys Arg Ala Asp Ser Thr Cys Gln Asp Ala Gly Tyr
 340 345 350

60

Phe Thr Val Leu Gly Gly Ser Ala Glu Met Ala Trp Ala Phe Asp Arg
355 360 365

Leu Tyr Lys Tyr Asp Ile Thr Glu Thr Leu Glu Lys Met His Leu Arg
370 375 380

Tyr Asp Asp Asp Phe Thr Ile Ser Val Ser Leu Thr Ala Asn Asn Gly
385 390 395 400

Thr Val Leu Ser Ser Ser Leu Ile Pro Thr Pro Ser Val Ile Phe Gln
405 410 415

Arg Gly His

<210> 69

<211> 378

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 69

Arg Tyr Gln Ala Thr Ala Glu Tyr His Gly Leu Pro Ala Arg Cys Pro
1 5 10 15

Arg Pro Asp Ala Lys Asp Arg Tyr Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro
20 25 30

Ile Phe Pro His Trp His Arg Leu Phe Val Thr Gln Val Glu Asp Ala
35 40 45

Leu Val Gly Arg Gly Ala Thr Ile Gly Ile Pro Tyr Trp Asp Trp Thr
50 55 60

Glu Pro Met Thr His Ile Pro Gly Leu Ala Gly Asn Lys Thr Tyr Val
65 70 75 80

Asp Ser His Gly Ala Ser His Thr Asn Pro Phe His Ser Ser Val Ile
85 90 95

Ala Phe Glu Glu Asn Ala Pro His Thr Lys Arg Gln Ile Asp Gln Arg
100 105 110

Leu Phe Lys Pro Ala Thr Phe Gly His His Thr Asp Leu Phe Asn Gln
115 120 125

Ile Leu Tyr Ala Phe Glu Gln Glu Asp Tyr Cys Asp Phe Glu Val Gln
130 135 140

Phe Glu Ile Thr His Asn Thr Ile His Ala Trp Thr Gly Gly Ser Glu
145 150 155 160

His Phe Ser Met Ser Ser Leu His Tyr Thr Ala Phe Asp Pro Leu Phe
165 170 175

Tyr Phe His His Ser Asn Val Asp Arg Leu Trp Ala Val Trp Gln Ala
180 185 190

Leu Gln Met Arg Arg His Lys Pro Tyr Arg Ala His Cys Ala Ile Ser
 195 200 205
 Leu Glu His Met His Leu Lys Pro Phe Ala Phe Ser Ser Pro Leu Asn
 210 215 220
 Asn Asn Glu Lys Thr His Ala Asn Ala Met Pro Asn Lys Ile Tyr Asp
 225 230 235 240
 Tyr Glu Asn Val Leu His Tyr Thr Tyr Glu Asp Leu Thr Phe Gly Gly
 245 250 255
 Ile Ser Leu Glu Asn Ile Glu Lys Met Ile His Glu Asn Gln Gln Glu
 260 265 270
 Asp Arg Ile Tyr Ala Gly Phe Leu Leu Ala Gly Ile Arg Thr Ser Ala
 275 280 285
 Asn Val Asp Ile Phe Ile Lys Thr Thr Asp Ser Val Gln His Lys Ala
 290 295 300
 Gly Thr Phe Ala Val Leu Gly Gly Ser Lys Glu Met Lys Trp Gly Phe
 305 310 315 320
 Asp Arg Val Phe Lys Phe Asp Ile Thr His Val Leu Lys Asp Leu Asp
 325 330 335
 Leu Thr Ala Asp Gly Asp Phe Glu Val Thr Val Asp Ile Thr Glu Val
 340 345 350
 Asp Gly Thr Lys Leu Ala Ser Ser Leu Ile Pro His Ala Ser Val Ile
 355 360 365
 Arg Glu His Ala Arg Gly Lys Leu Asn Arg
 370 375

<210> 70
 <211> 419
 <212> PRT
 <213> Megathura crenulata

<400> 70
 Asp Ser Ala His Thr Asp Asp Gly His Thr Glu Pro Val Met Ile Arg
 1 5 10 15
 Lys Asp Ile Thr Gln Leu Asp Lys Arg Gln Gln Leu Ser Leu Val Lys
 20 25 30
 Ala Leu Glu Ser Met Lys Ala Asp His Ser Ser Asp Gly Phe Gln Ala
 35 40 45
 Ile Ala Ser Phe His Ala Leu Pro Pro Leu Cys Pro Ser Pro Ala Ala
 50 55 60

Ser Lys Arg Phe Ala Cys Cys Val His Gly Met Ala Thr Phe Pro Gln
 65 70 75 80
 Trp His Arg Leu Tyr Thr Val Gln Phe Gln Asp Ser Leu Arg Lys His
 85 90 95
 Gly Ala Val Val Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Leu Pro Arg Ser
 100 105 110
 Glu Leu Pro Glu Leu Leu Thr Val Ser Thr Ile His Asp Pro Glu Thr
 115 120 125
 Gly Arg Asp Ile Pro Asn Pro Phe Ile Gly Ser Lys Ile Glu Phe Glu
 130 135 140
 Gly Glu Asn Val His Thr Lys Arg Asp Ile Asn Arg Asp Arg Leu Phe
 145 150 155 160
 Gln Gly Ser Thr Lys Thr His His Asn Trp Phe Ile Glu Gln Ala Leu
 165 170 175
 Leu Ala Leu Glu Gln Thr Asn Tyr Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu
 180 185 190
 Ile Met His Asn Gly Val His Thr Trp Val Gly Gly Lys Glu Pro Tyr
 195 200 205
 Gly Ile Gly His Leu His Tyr Ala Ser Tyr Asp Pro Leu Phe Tyr Ile
 210 215 220
 His His Ser Gln Thr Asp Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Ser Leu Gln
 225 230 235 240
 Arg Phe Arg Gly Leu Ser Gly Ser Glu Ala Asn Cys Ala Val Asn Leu
 245 250 255
 Met Lys Thr Pro Leu Lys Pro Phe Ser Phe Gly Ala Pro Tyr Asn Leu
 260 265 270
 Asn Asp His Thr His Asp Phe Ser Lys Pro Glu Asp Thr Phe Asp Tyr
 275 280 285
 Gln Lys Phe Gly Tyr Ile Tyr Asp Thr Leu Glu Phe Ala Gly Trp Ser
 290 295 300
 Ile Arg Gly Ile Asp His Ile Val Arg Asn Arg Gln Glu His Ser Arg
 305 310 315 320
 Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu Glu Gly Phe Gly Thr Ser Ala Thr Val
 325 330 335
 Asp Phe Gln Val Cys Arg Thr Ala Gly Asp Cys Glu Asp Ala Gly Tyr
 340 345 350
 Phe Thr Val Leu Gly Gly Glu Lys Glu Met Pro Trp Ala Phe Asp Arg
 355 360 365

Leu Tyr Lys Tyr Asp Ile Thr Glu Thr Leu Asp Lys Met Asn Leu Arg
 370 375 380
 His Asp Glu Ile Phe Gln Ile Glu Val Thr Ile Thr Ser Tyr Asp Gly
 385 390 395 400
 Thr Val Leu Asp Ser Gly Leu Ile Pro Thr Pro Ser Ile Ile Tyr Asp
 405 410 415
 Pro Ala His

<210> 71
 <211> 418
 <212> PRT
 <213> Megathura crenulata

<400> 71
 His Asp Ile Ser Ser His His Leu Ser Leu Asn Lys Val Arg His Asp
 1 5 10 15
 Leu Ser Thr Leu Ser Glu Arg Asp Ile Gly Ser Leu Lys Tyr Ala Leu
 20 25 30
 Ser Ser Leu Gln Ala Asp Thr Ser Ala Asp Gly Phe Ala Ala Ile Ala
 35 40 45
 Ser Phe His Gly Leu Pro Ala Lys Cys Asn Asp Ser His Asn Asn Glu
 50 55 60
 Val Ala Cys Cys Ile His Gly Met Pro Thr Phe Pro His Trp His Arg
 65 70 75 80
 Leu Tyr Thr Leu Gln Phe Glu Gln Ala Leu Arg Arg His Gly Ser Ser
 85 90 95
 Val Ala Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Lys Pro Ile His Asn Ile Pro
 100 105 110
 His Leu Phe Thr Asp Lys Glu Tyr Tyr Asp Val Trp Arg Asn Lys Val
 115 120 125
 Met Pro Asn Pro Phe Ala Arg Gly Tyr Val Pro Ser His Asp Thr Tyr
 130 135 140
 Thr Val Arg Asp Val Gln Glu Gly Leu Phe His Leu Thr Ser Thr Gly
 145 150 155 160
 Glu His Ser Ala Leu Leu Asn Gln Ala Leu Leu Ala Leu Glu Gln His
 165 170 175
 Asp Tyr Cys Asp Phe Ala Val Gln Phe Glu Val Met His Asn Thr Ile
 180 185 190
 His Tyr Leu Val Gly Gly Pro Gln Val Tyr Ser Leu Ser Ser Leu His
 195 200 205

Tyr Ala Ser Tyr Asp Pro Ile Phe Phe Ile His His Ser Phe Val Asp
 210 215 220
 Lys Val Trp Ala Val Trp Gln Ala Leu Gln Glu Lys Arg Gly Leu Pro
 225 230 235 240
 Ser Asp Arg Ala Asp Cys Ala Val Ser Leu Met Thr Gln Asn Met Arg
 245 250 255
 Pro Phe His Tyr Glu Ile Asn His Asn Gln Phe Thr Lys Lys His Ala
 260 265 270
 Val Pro Asn Asp Val Phe Lys Tyr Glu Leu Leu Gly Tyr Arg Tyr Asp
 275 280 285
 Asn Leu Glu Ile Gly Gly Met Asn Leu His Glu Ile Glu Lys Glu Ile
 290 295 300
 Lys Asp Lys Gln His His Val Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu His
 305 310 315 320
 Gly Ile Arg Thr Ser Ala Asp Val Gln Phe Gln Ile Cys Lys Thr Ser
 325 330 335
 Glu Asp Cys His His Gly Gly Gln Ile Phe Val Leu Gly Gly Thr Lys
 340 345 350
 Glu Met Ala Trp Ala Tyr Asn Arg Leu Phe Lys Tyr Asp Ile Thr His
 355 360 365
 Ala Leu His Asp Ala His Ile Thr Pro Glu Asp Val Phe His Pro Ser
 370 375 380
 Glu Pro Phe Phe Ile Lys Val Ser Val Thr Ala Val Asn Gly Thr Val
 385 390 395 400
 Leu Pro Ala Ser Ile Leu His Ala Pro Thr Ile Ile Tyr Glu Pro Gly
 405 410 415
 Leu Gly

<210> 72
 <211> 241
 <212> PRT
 <213> Megathura crenulata

<400> 72
 Asp His His Glu Asp His His Ser Ser Ser Met Ala Gly His Gly Val
 1 5 10 15
 Arg Lys Glu Ile Asn Thr Leu Thr Thr Ala Glu Val Asp Asn Leu Lys
 20 25 30

65

Asp Ala Met Arg Ala Val Met Ala Asp His Gly Pro Asn Gly Tyr Gln
 35 40 45
 Ala Ile Ala Ala Phe His Gly Asn Pro Pro Met Cys Pro Met Pro Asp
 50 55 60
 Gly Lys Asn Tyr Ser Cys Cys Thr His Gly Met Ala Thr Phe Pro His
 65 70 75 80
 Trp His Arg Leu Tyr Thr Lys Gln Met Glu Asp Ala Leu Thr Ala His
 85 90 95
 Gly Ala Arg Val Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Gly Thr Thr Ala Phe Thr
 100 105 110
 Ala Leu Pro Thr Phe Val Thr Asp Glu Glu Asp Asn Pro Phe His His
 115 120 125
 Gly His Ile Asp Tyr Leu Gly Val Asp Thr Thr Arg Ser Pro Arg Asp
 130 135 140
 Lys Leu Phe Asn Asp Pro Glu Arg Gly Ser Glu Ser Phe Phe Tyr Arg
 145 150 155 160
 Gln Val Leu Leu Ala Leu Glu Gln Thr Asp Phe Cys Gln Phe Glu Val
 165 170 175
 Gln Phe Glu Ile Thr His Asn Ala Ile His Ser Trp Thr Gly Gly Leu
 180 185 190
 Thr Pro Tyr Gly Met Ser Thr Leu Glu Tyr Thr Thr Tyr Asp Pro Leu
 195 200 205
 Phe Trp Leu His His Ala Asn Thr Asp Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln
 210 215 220
 Ala Leu Gln Glu Tyr Arg Gly Leu Pro Tyr Asp His Ala Asn Cys Glu
 225 230 235 240
 Ile

<210> 73

<211> 98

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 73

Lys His His Glu Lys His His Glu Asp His His Glu Asp Ile Leu Val
 1 5 10 15

Arg Lys Asn Ile His Ser Leu Ser His His Glu Ala Glu Glu Leu Arg
 20 25 30

Asp Ala Leu Tyr Lys Leu Gln Asn Asp Glu Ser His Gly Gly Tyr Glu
 35 40 45

His Ile Ala Gly Phe His Gly Tyr Pro Asn Leu Cys Pro Glu Lys Gly
 50 55 60

Asp Glu Lys Tyr Pro Cys Cys Val His Gly Met Ser Ile Phe Pro His
 65 70 75 80

Trp His Arg Leu His Thr Ile Gln Leu Glu Arg Ala Leu Lys Lys His
 85 90 95

Gly Ser

<210> 74

<211> 314

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 74

Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Met Pro Met Ser His Leu Pro Glu
 1 5 10 15

Leu Ala Thr Ser Glu Thr Tyr Leu Asp Pro Val Thr Gly Glu Thr Lys
 20 25 30

Asn Asn Pro Phe His His Ala Gln Val Ala Phe Glu Asn Gly Val Thr
 35 40 45

Ser Arg Asn Pro Asp Ala Lys Leu Phe Met Lys Pro Thr Tyr Gly Asp
 50 55 60

His Thr Tyr Leu Phe Asp Ser Met Ile Tyr Ala Phe Glu Gln Glu Asp
 65 70 75 80

Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Tyr Glu Leu Thr His Asn Ala Ile His
 85 90 95

Ala Trp Val Gly Gly Ser Glu Lys Tyr Ser Met Ser Ser Leu His Tyr
 100 105 110

Thr Ala Phe Asp Pro Ile Phe Tyr Leu His His Ser Asn Val Asp Arg
 115 120 125

Leu Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Ile Arg Arg Gly Lys Ser Tyr
 130 135 140

Lys Ala His Cys Ala Ser Ser Gln Glu Arg Glu Pro Leu Lys Pro Phe
 145 150 155 160

Ala Phe Ser Ser Pro Leu Asn Asn Asn Glu Lys Thr Tyr His Asn Ser
 165 170 175

Val Pro Thr Asn Val Tyr Asp Tyr Val Gly Val Leu His Tyr Arg Tyr
 180 185 190

67

Asp Asp Leu Gln Phe Gly Gly Met Thr Met Ser Glu Leu Glu Tyr
 195 200 205
 Ile His Lys Gln Thr Gln His Asp Arg Thr Phe Ala Gly Phe Phe Leu
 210 215 220
 Ser Tyr Ile Gly Thr Ser Ala Ser Val Asp Ile Phe Ile Asn Arg Glu
 225 230 235 240
 Gly His Asp Lys Tyr Lys Val Gly Ser Phe Val Val Leu Gly Gly Ser
 245 250 255
 Lys Glu Met Lys Trp Gly Phe Asp Arg Met Tyr Lys Tyr Glu Ile Thr
 260 265 270
 Glu Ala Leu Lys Thr Leu Asn Val Ala Val Asp Asp Gly Phe Ser Ile
 275 280 285
 Thr Val Glu Ile Thr Asp Val Asp Gly Ser Pro Pro Ser Ala Asp Leu
 290 295 300
 Ile Pro Pro Pro Ala Ile Ile Phe Glu Arg
 305 310

<210> 75

<211> 416

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 75

Ala Asp Ala Lys Asp Phe Gly His Ser Arg Lys Ile Arg Lys Ala Val
 1 5 10 15
 Asp Ser Leu Thr Val Glu Glu Gln Thr Ser Leu Arg Arg Ala Met Ala
 20 25 30
 Asp Leu Gln Asp Asp Lys Thr Ser Gly Gly Phe Gln Gln Ile Ala Ala
 35 40 45
 Phe His Gly Glu Pro Lys Trp Cys Pro Ser Pro Glu Ala Glu Lys Lys
 50 55 60
 Phe Ala Cys Cys Val His Gly Met Ala Val Phe Pro His Trp His Arg
 65 70 75 80
 Leu Leu Thr Val Gln Gly Glu Asn Ala Leu Arg Lys His Gly Phe Thr
 85 90 95
 Gly Gly Leu Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Arg Ser Met Ser Ala Leu Pro
 100 105 110
 His Phe Val Ala Asp Pro Thr Tyr Asn Asp Ala Ile Ser Ser Gln Glu
 115 120 125
 Glu Asp Asn Pro Trp His His Gly His Ile Asp Ser Val Gly His Asp
 130 135 140

Thr Thr Arg Asp Val Arg Asp Asp Leu Tyr Gln Ser Pro Gly Phe Gly
 145 150 155 160
 His Tyr Thr Asp Ile Ala Lys Gln Val Leu Leu Ala Phe Glu Gln Asp
 165 170 175
 Asp Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Ile Ala His Asn Phe Ile
 180 185 190
 His Ala Leu Val Gly Gly Asn Glu Pro Tyr Ser Met Ser Ser Leu Arg
 195 200 205
 Tyr Thr Thr Tyr Asp Pro Ile Phe Phe Leu His Arg Ser Asn Thr Asp
 210 215 220
 Arg Leu Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Lys Tyr Arg Gly Lys Pro
 225 230 235 240
 Tyr Asn Thr Ala Asn Cys Ala Ile Ala Ser Met Arg Lys Pro Leu Gln
 245 250 255
 Pro Phe Gly Leu Asp Ser Val Ile Asn Pro Asp Asp Glu Thr Arg Glu
 260 265 270
 His Ser Val Pro Phe Arg Val Phe Asp Tyr Lys Asn Asn Phe Asp Tyr
 275 280 285
 Glu Tyr Glu Ser Leu Ala Phe Asn Gly Leu Ser Ile Ala Gln Leu Asp
 290 295 300
 Arg Glu Leu Gln Arg Arg Lys Ser His Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe
 305 310 315 320
 Leu Leu His Glu Ile Gly Gln Ser Ala Leu Val Lys Phe Tyr Val Cys
 325 330 335
 Lys His Asn Val Ser Asp Cys Asp His Tyr Ala Gly Glu Phe Tyr Ile
 340 345 350
 Leu Gly Asp Glu Ala Glu Met Pro Trp Arg Tyr Asp Arg Val Tyr Lys
 355 360 365
 Tyr Glu Ile Thr Gln Gln Leu His Asp Leu Asp Leu His Val Gly Asp
 370 375 380
 Asn Phe Phe Leu Lys Tyr Glu Ala Phe Asp Leu Asn Gly Gly Ser Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Ser Ile Phe Ser Gln Pro Ser Val Ile Phe Glu Pro Ala Ala
 405 410 415

<210> 76

<211> 419

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 76

Gly Ser His Gln Ala Asp Glu Tyr Arg Glu Ala Val Thr Ser Ala Ser
 1 5 10 15
 His Ile Arg Lys Asn Ile Arg Asp Leu Ser Glu Gly Glu Ile Glu Ser
 20 25 30
 Ile Arg Ser Ala Phe Leu Gln Ile Gln Lys Glu Gly Ile Tyr Glu Asn
 35 40 45
 Ile Ala Lys Phe His Gly Lys Pro Gly Leu Cys Glu His Asp Gly His
 50 55 60
 Pro Val Ala Cys Cys Val His Gly Met Pro Thr Phe Pro His Trp His
 65 70 75 80
 Arg Leu Tyr Val Leu Gln Val Glu Asn Ala Leu Leu Glu Arg Gly Ser
 85 90 95
 Ala Val Ala Val Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Glu Lys Ala Asp Ser Leu
 100 105 110
 Pro Ser Leu Ile Asn Asp Ala Thr Tyr Phe Asn Ser Arg Ser Gln Thr
 115 120 125
 Phe Asp Pro Asn Pro Phe Phe Arg Gly His Ile Ala Phe Glu Asn Ala
 130 135 140
 Val Thr Ser Arg Asp Pro Gln Pro Glu Leu Trp Asp Asn Lys Asp Phe
 145 150 155 160
 Tyr Glu Asn Val Met Leu Ala Leu Glu Gln Asp Asn Phe Cys Asp Phe
 165 170 175
 Glu Ile Gln Leu Glu Leu Ile His Asn Ala Leu His Ser Arg Leu Gly
 180 185 190
 Gly Arg Ala Lys Tyr Ser Leu Ser Ser Leu Asp Tyr Thr Ala Phe Asp
 195 200 205
 Pro Val Phe Phe Leu His His Ala Asn Val Asp Arg Ile Trp Ala Ile
 210 215 220
 Trp Gln Asp Leu Gln Arg Tyr Arg Lys Lys Pro Tyr Asn Glu Ala Asp
 225 230 235 240
 Cys Ala Val Asn Glu Met Arg Lys Pro Leu Gln Pro Phe Asn Asn Pro
 245 250 255
 Glu Leu Asn Ser Asp Ser Met Thr Leu Lys His Asn Leu Pro Gln Asp
 260 265 270
 Ser Phe Asp Tyr Gln Asn Arg Phe Arg Tyr Gln Tyr Asp Asn Leu Gln
 275 280 285

70

Phe Asn His Phe Ser Ile Gln Lys Leu Asp Gln Thr Ile Gln Ala Arg
 290 295 300
 Lys Gln His Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Ile Leu His Asn Ile Gly
 305 310 315 320
 Thr Ser Ala Val Val Asp Ile Tyr Ile Cys Val Glu Gln Gly Gly Glu
 325 330 335
 Gln Asn Cys Lys Thr Lys Ala Gly Ser Phe Thr Ile Leu Gly Gly Glu
 340 345 350
 Thr Glu Met Pro Phe His Phe Asp Arg Leu Tyr Lys Phe Asp Ile Thr
 355 360 365
 Ser Ala Leu His Lys Leu Gly Val Pro Leu Asp Gly His Gly Phe Asp
 370 375 380
 Ile Lys Val Asp Val Arg Ala Val Asn Gly Ser His Leu Asp Gln His
 385 390 395 400
 Ile Leu Asn Glu Pro Ser Leu Leu Phe Val Pro Gly Glu Arg Lys Asn
 405 410 415
 Ile Tyr Tyr

<210> 77

<211> 413

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 77

Asp Gly Leu Ser Gln His Asn Leu Val Arg Lys Glu Val Ser Ser Leu
 1 5 10 15
 Thr Thr Leu Glu Lys His Phe Leu Arg Lys Ala Leu Lys Asn Met Gln
 20 25 30
 Ala Asp Asp Ser Pro Asp Gly Tyr Gln Ala Ile Ala Ser Phe His Ala
 35 40 45
 Leu Pro Pro Leu Cys Pro Ser Pro Ser Ala Ala His Arg His Ala Cys
 50 55 60
 Cys Leu His Gly Met Ala Thr Phe Pro Gln Trp His Arg Leu Tyr Thr
 65 70 75 80
 Val Gln Phe Glu Asp Ser Leu Lys Arg His Gly Ser Ile Val Gly Leu
 85 90 95
 Pro Tyr Trp Asp Trp Leu Lys Pro Gln Ser Ala Leu Pro Asp Leu Val
 100 105 110
 Thr Gln Glu Thr Tyr Glu His Leu Phe Ser His Lys Thr Phe Pro Asn
 115 120 125

Pro Phe Leu Lys Ala Asn Ile Glu Phe Glu Gly Glu Gly Val Thr Thr
 130 135 140
 Glu Arg Asp Val Asp Ala Glu His Leu Phe Ala Lys Gly Asn Leu Val
 145 150 155 160
 Tyr Asn Asn Trp Phe Cys Asn Gln Ala Leu Tyr Ala Leu Glu Gln Glu
 165 170 175
 Asn Tyr Cys Asp Phe Glu Ile Gln Phe Glu Ile Leu His Asn Gly Ile
 180 185 190
 His Ser Trp Val Gly Gly Ser Lys Thr His Ser Ile Gly His Leu His
 195 200 205
 Tyr Ala Ser Tyr Asp Pro Leu Phe Tyr Ile His His Ser Gln Thr Asp
 210 215 220
 Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Glu His Arg Gly Leu Ser
 225 230 235 240
 Gly Lys Glu Ala His Cys Ala Leu Glu Gln Met Lys Asp Pro Leu Lys
 245 250 255
 Pro Phe Ser Phe Gly Ser Pro Tyr Asn Leu Asn Lys Arg Thr Gln Glu
 260 265 270
 Phe Ser Lys Pro Glu Asp Thr Phe Asp Tyr His Arg Phe Gly Tyr Glu
 275 280 285
 Tyr Asp Ser Leu Glu Phe Val Gly Met Ser Val Ser Ser Leu His Asn
 290 295 300
 Tyr Ile Lys Gln Gln Gln Glu Ala Asp Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu
 305 310 315 320
 Leu Lys Gly Phe Gly Gln Ser Ala Ser Val Ser Phe Asp Ile Cys Arg
 325 330 335
 Pro Asp Gln Ser Cys Gln Glu Ala Gly Tyr Phe Ser Val Leu Gly Gly
 340 345 350
 Ser Ser Glu Met Pro Trp Gln Phe Asp Arg Leu Tyr Lys Tyr Asp Ile
 355 360 365
 Thr Lys Thr Leu Lys Asp Met Lys Leu Arg Tyr Asp Asp Thr Phe Thr
 370 375 380
 Ile Lys Val His Ile Lys Asp Ile Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ser Asp
 385 390 395 400
 Leu Ile Pro Thr Pro Ser Val Leu Leu Glu Glu Gly Lys
 405 410

<210> 78

<211> 417

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 78

His Gly Ile Asn Val Arg His Val Gly Arg Asn Arg Ile Arg Met Glu

1 5 10 15

Leu Ser Glu Leu Thr Glu Arg Asp Leu Ala Ser Leu Lys Ser Ala Met

20 25 30

Arg Ser Leu Gln Ala Asp Asp Gly Val Asn Gly Tyr Gln Ala Ile Ala

35 40 45

Ser Phe His Gly Leu Pro Ala Ser Cys His Asp Asp Glu Gly His Glu

50 55 60

Ile Ala Cys Cys Ile His Gly Met Pro Val Phe Pro His Trp His Arg

65 70 75 80

Leu Tyr Thr Leu Gln Met Asp Met Ala Leu Leu Ser His Gly Ser Ala

85 90 95

Val Ala Ile Pro Tyr Trp Asp Trp Thr Lys Pro Ile Ser Lys Leu Pro

100 105 110

Asp Leu Phe Thr Ser Pro Glu Tyr Trp Asp Pro Trp Arg Asp Ala Val

115 120 125

Val Asn Asn Pro Phe Ala Lys Gly Tyr Ile Lys Ser Glu Asp Ala Tyr

130 135 140

Thr Val Arg Asp Pro Gln Asp Ile Leu Tyr His Leu Gln Asp Glu Thr

145 150 155 160

Gly Thr Ser Val Leu Leu Asp Gln Thr Leu Leu Ala Leu Glu Gln Thr

165 170 175

Asp Phe Cys Asp Phe Glu Val Gln Phe Glu Val Val His Asn Ala Ile

180 185 190

His Tyr Leu Val Gly Gly Arg Gln Val Tyr Ala Leu Ser Ser Gln His

195 200 205

Tyr Ala Ser Tyr Asp Pro Ala Phe Phe Ile His His Ser Phe Val Asp

210 215 220

Lys Ile Trp Ala Val Trp Gln Ala Leu Gln Lys Lys Arg Lys Arg Pro

225 230 235 240

Tyr His Lys Ala Asp Cys Ala Leu Asn Met Met Thr Lys Pro Met Arg

245 250 255

Pro Phe Ala His Asp Phe Asn His Asn Gly Phe Thr Lys Met His Ala

260 265 270

73

Val Pro Asn Thr Leu Phe Asp Phe Gln Asp Leu Phe Tyr Thr Tyr Asp
275 280 285

Asn Leu Glu Ile Ala Gly Met Asn Val Asn Gln Leu Glu Ala Glu Ile
290 295 300

Asn Arg Arg Lys Ser Gln Thr Arg Val Phe Ala Gly Phe Leu Leu His
305 310 315 320

Gly Ile Gly Arg Ser Ala Asp Val Arg Phe Trp Ile Cys Lys Thr Ala
325 330 335

Asp Asp Cys His Ala Ser Gly Met Ile Phe Ile Leu Gly Gly Ser Lys
340 345 350

Glu Met His Trp Ala Tyr Asp Arg Asn Phe Lys Tyr Asp Ile Thr Gln
355 360 365

Ala Leu Lys Ala Gln Ser Ile His Pro Glu Asp Val Phe Asp Thr Asp
370 375 380

Ala Pro Phe Phe Ile Lys Val Glu Val His Gly Val Asn Lys Thr Ala
385 390 395 400

Leu Pro Ser Ser Ala Ile Pro Ala Pro Thr Ile Ile Tyr Ser Ala Gly
405 410 415

Glu

<210> 79

<211> 395

<212> PRT

<213> Megathura crenulata

<400> 79

Asp His Ile Ala Gly Ser Gly Val Arg Lys Asp Val Thr Ser Leu Thr
1 5 10 15

Ala Ser Glu Ile Glu Asn Leu Arg His Ala Leu Gln Ser Val Met Asp
20 25 30

Asp Asp Gly Pro Asn Gly Phe Gln Ala Ile Ala Ala Tyr His Gly Ser
35 40 45

Pro Pro Met Cys His Met Xaa Asp Gly Arg Asp Val Ala Cys Cys Thr
50 55 60

His Gly Met Ala Ser Phe Pro His Trp His Arg Leu Phe Val Lys Gln
65 70 75 80

Met Glu Asp Ala Leu Ala Ala His Gly Ala His Ile Gly Ile Pro Tyr
85 90 95

Trp Asp Trp Thr Ser Ala Phe Ser His Leu Pro Ala Leu Val Thr Asp
100 105 110

His Glu His Asn Pro Phe His His Gly His Ile Ala His Arg Asn Val
 115 120 125
 Asp Thr Ser Arg Ser Pro Arg Asp Met Leu Phe Asn Asp Pro Glu His
 130 135 140
 Gly Ser Glu Ser Phe Phe Tyr Arg Gln Val Leu Leu Ala Leu Glu Gln
 145 150 155 160
 Thr Asp Phe Cys Gln Phe Glu Val Gln Phe Glu Ile Thr His Asn Ala
 165 170 175
 Ile His Ser Trp Thr Gly Gly His Thr Pro Tyr Gly Met Ser Ser Leu
 180 185 190
 Glu Tyr Thr Ala Tyr Asp Pro Leu Phe Tyr Leu His His Ser Asn Thr
 195 200 205
 Asp Arg Ile Trp Ala Ile Trp Gln Ala Leu Gln Lys Tyr Arg Gly Phe
 210 215 220
 Gln Tyr Asn Ala Ala His Cys Asp Ile Gln Val Leu Lys Gln Pro Leu
 225 230 235 240
 Lys Pro Phe Ser Glu Ser Arg Asn Pro Asn Pro Val Thr Arg Ala Asn
 245 250 255
 Ser Arg Ala Val Asp Ser Phe Asp Tyr Glu Arg Leu Asn Tyr Gln Tyr
 260 265 270
 Asp Thr Leu Thr Phe His Gly His Ser Ile Ser Glu Leu Asp Ala Met
 275 280 285
 Leu Gln Glu Arg Lys Lys Glu Glu Arg Thr Phe Ala Ala Phe Leu Leu
 290 295 300
 His Gly Phe Gly Ala Ser Ala Asp Val Ser Phe Asp Val Cys Thr Pro
 305 310 315 320
 Asp Gly His Cys Ala Phe Ala Gly Thr Phe Ala Val Leu Gly Gly Glu
 325 330 335
 Leu Glu Met Pro Trp Ser Phe Glu Arg Leu Phe Arg Tyr Asp Ile Thr
 340 345 350
 Lys Val Leu Lys Gln Met Asn Leu His Tyr Asp Ser Glu Phe His Phe
 355 360 365
 Glu Leu Lys Ile Val Gly Thr Asp Gly Thr Glu Leu Pro Ser Asp Arg
 370 375 380
 Ile Lys Ser Pro Thr Ile Glu His His Gly Gly
 385 390 395

<210> 80
 <211> 1266
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 80
 ctgtgttcagt ttctactcgt cgccttctgt gtgggggctg gaggagacaa cgtcgtcaga 60
 aaggacgtga gtcacctcac gtagacagag gtgcaagctc tccacggcgc cctccatgac 120
 gtcactgcat ctacaggggc tctgagtttc gaagacataa catcttaaca tgccgcacca 180
 gcgtcgtgtg actacaaggc acggaagatc gctcgtctgt tccacgggat gccaggttc 240
 cctctctggc acagggcata tgcgtccaa gccgagcggg cactgtgtgc caaacggaag 300
 actgtcggaa tgcttactg ggaactggac caaacgtga ctcaactacc atctctgtgt 360
 actgaaccca tctacattga cagtaaaagt ggaaaggctc aaaccaacta ctggtaccgc 420
 ggcgagatag cgttcatcaa taagaagact gcgcgagctg tagatgatcg cctattcgag 480
 aaggttgagg ctggtcacta cacacatctt atggagactg tccctcgacg tctcgaaacg 540
 gacgaattct gtaaatgtga aatccagttc gattgtgctc ataattgctat ccattacttg 600
 gtgtgcggtg aatttgaata ttcaatgtca aacttggaa acacctccta cgcacccatc 660
 ttctctccct accactccaa cgttgaccgc ctcttcgcca tctggcagcg tcttcaggaa 720
 ctgcgaggaa agaattccaa tgcaatggac tgtgcacatg aactcgctca ccagcaactc 780
 caaccttca acagggacag caatccagtc cagctcacia aggaccactc gacacctgct 840
 gacctctttg attacaaaca acttggatag agctacgaca gcttaaacct gaattggaat 900
 acgccagaac agctgaaaac agaactagac gaacgccact ccaagaagac tgcgtttgca 960
 agcttccgac tcagtggtct tgggggttct gccaacgttg ttgtctatgc atgtgtccct 1020
 gatgatgatc cagcgagtga tgactactgc gagaagcag gcgacttctt cattcttggg 1080
 ggtcaaaagc aaatccgtg gagattctac agacctctt tctatgatgt aactgaagcg 1140
 gtacatcacc ttggagctcc gctaagtggc cactactatg tgaaaacaga actcttcagc 1200
 gtgaatggca cagcacttct acctgatctt ctctctcaac caactgttgc caccgaact 1260
 gggaaa 1266

<210> 81
 <211> 1257
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 81
 ggtcaccttg acccacctgt gcatcatcgc cagcatgagc atcttatgtg tcgaaaaaat 60
 atagatcatt tgactcgtga agaggaatag gagctaagga tggctctgga gagattccag 120
 gccgacacat ccgtgtatgg gtagcaggct acagtagagt accatggcct tctgctcgt 180
 tgtccacgac cagatgcgaa atgcaggttc gctctgtgta tgcatggcat ggcatcttc 240
 cctcactggc accggtctgt cgttaccagc ttggaagatg ctctctgcat gcgtggatcg 300
 cetatcggtg ttcttattg ggactggaca aaacctatga ctcaacttcc agacttggca 360
 tcaaatgaga cgtacgtaga cccgtatgga catcacatc ataattccatt ctccaatgca 420
 aatatattct ttgaggaggg acaccatcac acgagcagga tgatagattc gaactgttt 480
 gccccagctg cttttgggga gcatcccatc ctgtttgatg gaactcgtga cgcatttgag 540
 cagggaagatt tctgcgactt tgagattcag tttgagttag tccataatc tattcatcgc 600
 ttggaatggc gttccgaaga ttactccatg gccaccctgc attacacagc ctttgacccc 660
 attttctacc ttcatctct caatgtcgat cgtctatggg caacttgga agctcttcaa 720
 atcaggagac acaagccata tcaagcccac tgtgcacagt ctgtggaaca gttgccaatg 780
 aagcattatt ctttcccatc acctcttaac aacaacgaga agacacatag tcattcagtc 840
 ccgactgaca ttatgacta cgaggaaagt ctgcactaca gctacgatga tctaactgtt 900
 ggtgggatga accttgaaga aatagaagaa gctatacatc tcagacaaca gcatgaacga 960
 gtcttcggg gatttctcct tgcgtgaaata ggaacatctg cacttgttga cattttcata 1020
 aataaacagg ggaaccaacc actcaaaagt ggagatatgt ccatctcttg tgggtgccag 1080
 gaaatgcttt gggcgtttga ccgcttctgt aaggtcgaaa taactgactg attgaagaca 1140
 cttttctctg atgtcgatgt agattatgaa gtcactttta aaactcagta ttgacaggga 1200
 aacgctcttg ataccgacct gattccacac gcagcagttg tttctgagcc agctcac 1257

<210> 82
 <211> 1242
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 82
 cctacccttgg aggatgaaaa gcacagctta cgaatcagaa aaaatgtcga cagcttgact 60
 cctgaagaaa caaatgaact gcgtaaaagg ctggagcttc ttgaaaatga tcatactgca 120
 ggtggattca atcagcttgg cgcccttccat ggagagccta aatgggtgcc taatcctgaa 180
 gcggagcaca aggttgcatg ctgtgttcat ggcatggctg ttttccctca ttggcacagg 240
 cttcttggct tccaggcgga gaatgctctt agaaagcatg ggtacagtgg tgctctacca 300
 tactgggagt ggactgcgcc cctttcccaa ctctctgac tggttagtca tgagcagtat 360
 acagatcctt ccgaccactca cgtgaagcat aaccctgggt tcaatggcca catcgataca 420
 gtaaatcagg ataccaccag aagcgtacgg gaggatcctt atcaacaacc tgaatttgga 480
 catttcacgg atattgtcga acaagtctct tttagcattag aacaagatga cttctgttgc 540
 tttgaagtgc agtatgagat ttcccataat tttatccatg cactttaggg aggaaccgac 600
 gcttatggca tggcatcgct gagatataca gcatacgatc caatcttttt cttgcatcat 660
 tcaaacaccg acaggatctg ggctatttgg caatccctgc aaaaatcacag aggcaaacgg 720
 tacaacactg ccaactgcgc catagaatct atgagaaggc ccttgcacac atttggacta 780
 agcagtgcca ttaaccctga cagaatcacc agagagcatg ctatcccggt tgaatgtctc 840
 aactatagag ataacccttca ttacgtatat gataccctgg aatttaatgg ttgtgcgatt 900
 tcacaactct atagagagct ggaaaaaatc aagagtcacg aaagagtatt tgcctggattc 960
 ttgctgtcgg ggattaaaaa atctgctctt gtgaaattgc aagtttgtac tccaactgat 1020
 aattgtcata aagcaggggg gttttatcta ctgggggacg aaacagagat ggcttggggc 1080
 tatgaccgac ttttcaagta tgatattact caggttcttg aagcaaacca tctacacttc 1140
 tatgatcatc tcttcatctg ctacgaagtc ttgatctta aaggagttag tttgggaact 1200
 gacctgttcc acactgcaaa tgtggtacat gattccggca ca 1242

<210> 83
 <211> 1239
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 83
 ggcaccogtg atcgtgataa ctacgttgaa gaagtactg gggccagtca tatcaggaag 60
 aatttgaacg acctcaatcac cggagaaaatg gaaagcctta gagctgcttt cctgcataatt 120
 caggagcagc gaacataatga atctattgcc cagtagcatg gcaaacccagg caaatgtcaa 180
 ttgaatgatc ataattattgc gtgtgtgtgc catggtagtc ctaccttccc ccagtggaac 240
 agactgtgat tggttcaggt ggagaatgct ctcttaaacg ggggatctgg tggtgctgtt 300
 ccttactggg agtggactgc tcccatagac catctacctc attcatgta tgatgcaaca 360
 tacttcaatt cccgacaaca gcggtacgac cctaaccctt tcttcagggg aaaggttact 420
 tttgaaaacg cagtcacaaac aagggaccaca caagccggggc tcttcaactc agattatag 480
 tatgaaatag ttttacttgc actggagcag gaaaattatt gtgactttga aattcagttg 540
 gagcttgytc ataacgcact tcattccatg ctgggaggta aagggcagta ctccatgtcc 600
 tccctggact attctgcggt tgatcccgct ttcttcttac atcatgccaa caggacaga 660
 ctgtggggcaa tctggcagga actacaaaaga ttccgagaac tgccttatga agaagcgaac 720
 tgtgcaatca acctcatgca tcaaccactg aagccgttca gtgactccca tgagaatcac 780
 gacaaatgtca ctttgaataa ctcaaaaacca caggacggat tgcactacca gaaccacttc 840
 ggatacaagt atgacaacct tgagttccat cacttatcta tcccaagtc ttagtctacc 900
 ctgaaagcaa ggagaaatca cgacagagtg ttctggggct tcttcttca taacgatgga 960
 acctctgctg acataaactat ctacatatgt ctgcctgacg gacggcggtg caatgactgc 1020
 agtcatgagc cgggaacatt ctatatcttc ggaggcgaaa cagagatgct ttttactctt 1080
 gaccggtttg ataaaattga aatcaccaaa ccactgcaac gatttagagt caagctgcatt 1140
 ggtggagttt tcgaactgga gcttgagatc aaggcataca acggttcccta tctggatccc 1200
 catacccttg atcccaactat catctttgaa cctggaaca 1239

<210> 84
 <211> 1260
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 84
 gataccata tcttgaccac cgaccatgag gaagagatac ttgtcaggaa gaataataatt 60
 gatttgagcc caaggagag ggtttctcta gtcaaaagctt tgcaaaagatt gaagaatgat 120
 cgctcccgctg atgggtacca agccattgcc tctttccatg cctctgccacc actctgtccc 180
 aatccatctg cagctcaccc ttatgcttgc ttgttccatg gcatggctac atttcccag 240
 tggcacagac tgtacactgt tcaggttcag gatgccctga ggagacatgg ttcaacttgtt 300
 ggtattcctt actgggactg gacaaaacca gtcaacagat taccdgagct tctttcttca 360
 gcaacatttt atcatccaat ccggaatatt aatatttcaa atccattctct cggggctgac 420
 atagaatttg aaggacccgg cgctcataca gagaggcaca taaactctga cgcgcttgtt 480
 cacagtgagg atcatgcagg ataccacaac tggttcttcg aaaactgtct ctgtgctttg 540
 gaacagggaag attactgcga ttttgaata caatttgaga tagcccataa tggcatccac 600
 acatggattg gtggaagcgc agtatatggc atgggacacc ttcaactatgc atcatatgat 660
 ccaattttct acatccacca ttcacagacg gacagaatat gggctatttg gcaagagctg 720
 cagaagtaca ggggtctatc tggttcggaa gcaaaactgt ccattgaaca tagagaaca 780
 cccttgaagc ctttcagctt tggggccacc tacaatttga atagtcatac gcaagaatat 840
 tcaaaagctg aggcacagctt tgactataag aagtttggat acagatatga tagtctggaa 900
 ttggaggggg gatcaatttc tgcgattgat gaacttatcc agcagagaca ggagaaagac 960
 agaacttttg caggggttctt ccttaaagggt tttgttcatc ccgcatctgt gtcattgcaa 1020
 gtttgcagag ttgatcacac gcgttaaagt tcaactatct gggaggatca 1080
 gccgaaatgc catgggcatt cgacaggctt tataagtatg acattactaa aactcttca 1140
 gacatgaacc tggggcacga ggacactttc tctatagacg taactatcac gtcttacaat 1200
 ggaacagtac tctcgggaga cctcattcag acgcctcca ttatatttgt acctggagcg 1260

<210> 85
 <211> 1251
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 85
 cataaactca actcacggaa acatacacct aacagagctcc gccatgagct aagtagcctt 60
 agttcccctg acatagcaag ctggaaggca gctttgacaa gcccttcaaca tgataatggg 120
 actgatggtt atcaagctat tgcctgccttc catggcgcttc cctcgcagtg ccacagagca 180
 tctggagctg agatgcctct ttgcatccac ggcattggcga cgtttctctca tgcgcacggc 240
 ttgtacactc tgcagtttga gcaagcgctg ccagacacg ggtccagtgt ttgctgtcca 300
 tactgggact ggaccaagcc aatcacccgaa ctggcacaca ttctgacaga cggagaatat 360
 tatgacgctt ggcaaaatgc cgtcttggcc aatccgtttg caaagaggtta tgtgaaattt 420
 aaagatgcat ttacggtgag aaatgtccag gaaagtctgt tcaaaatgtt aagtttttga 480
 aagcactcgc ttctgtttga ccaggctttg ttggctcttg aacaaactga ctactgtgac 540
 ttcgaaattc agtttgaagt gatgcataac acgatccatt atctcgttag agggcgtaaa 600
 acgtacgcct tctcctctct cgagtattcc tcatacagtc caatctctct tattccacc 660
 tctgtttgtt gcaaaaatgc ggcgttatg caagaactgc aaagcaggag acatctacag 720
 tttagaacag ctgattgtgc tgtgggcctc atgggtcagg caatgaggcc tttcaacaag 780
 gattttcaac acaactcgtt caccaagaag cacgcagctcc ctaatacagt atttgattat 840
 gaagatcttg gctataacta tgacaacctt gaaatcagtg gtttaactt aaatgagatc 900
 gaggcggtta tagcaaaagc caagtacatc gctagagtct ttgctgggtt cctgtgtttt 960
 ggattaggaa cttcggctga tatacatctg gaaatttga agcatcga aaactgccat 1020
 gatgctggtg tgattttcat ccttggaggt tctgcagaga tgcattgggc atacaaccgc 1080
 ctctacaagt atgacattac agaagcattg caggaaattg acatcaacc tgaagatgtt 1140
 ttccatgctg atgaacctat ttctcagggt ctgtcgggtt ttgctgtgaa tggaaactgt 1200
 attccatcgt ctcatcttca ccagccaagc ataactatg aaccaggcga a 1251

<210> 86
 <211> 1209
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 86
 gatcaccatg acgaccatca gtcgggaagc atagcaggat ccgggggtccg caaggacgtg 60
 aacaccttga ctaaggctga gaccgacaac ctgaggagg cgctgtgggg tgtcatggca 120
 gaccacggct ccaatggcct tcaagctatt gctgctttcc atggaataac agctttgtgt 180
 cccatgcctg atggccacaa ctactcatgt tgtactcacg gcagggtcac gtttcacacac 240
 tggcatcgcc tctacaccaa gcagatggag gatgcaatga gggcgcatgg gttctcatgtc 300
 ggccctgcct actgggactg gactgctgcc ttacccacc tgccaacact ggtcaccgcac 360
 acggacaaca accccttcca acatggacac attgattatc tcaatgtcag cacaactcga 420
 tctccccgag acatgtgtgt caacgacccc gagcatggat cagagtcgtt ctctacaga 480
 caagtctctt tagctctgga acaactgat ttctgcaaat tcgaagtcca gtttgagata 540
 acccacaatg ccatccattc ctggacagggt ggccacagcc cctacggaat gtccactctc 600
 gacttcaact cctacgattc tctcttctgg cttaccact ccaacaccga cagaatctgg 660
 gctgtctggc aagcttttga agaatacaga ggacttccat acaacatgc caattgtgag 720
 atccaggcaa tgaaaacgcc cctgaggcct tcagtgacg atatcaacca caaccagtc 780
 acaaaaggca acgcgaagcc attagatgtg ttcgagata atcggttgag ctctcagtc 840
 gacaacctca tcttccatgg atacagtatt ccggaacttg atcgctgtct tgaagaaaga 900
 aaggaggagg acagaatatt tgcctgcctt cttctcagtg gaatcacagc tagtgtgtag 960
 gtagtgttgc acatatgcca gccagaacac gaatgtgtgt tcgcaggagc ttttgcgatt 1020
 ttgggggggg agctagaatg cccttggtcc ttccagacac gttctcgcta tgatattacc 1080
 aaggtgatga agcagctaca cctgaggcat gactctgact ttaccttcag ggtgaagatt 1140
 gtcggccacc acgaccacga gcttcttcca gacagtgtca aagcaccaac tattgaattt 1200
 gaaccgggc 1209

<210> 87
 <211> 1536
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

<400> 87
 gtgcacagag gcggaaacca cgaagatgaa caccatgatg acagactcgc agatgtcctg 60
 atcaggaaaag aagttgactt cctctccctg caagaggcca acgcaattaa ggtgctactg 120
 tacaagcttc agaatgacga cagtaaaagg ggctttgagg cctatcgactg ctatccacgg 180
 tatcttaata ttgtgtccga aagagggtacc gacaagtatc cctgctgtgt ccagggaatt 240
 cccgtgtttc ccactctgca ccgcctgcatt accattcaga ttggagagac tctgaaacac 300
 catggtcttc caatgggcat tcttactgg gatggacaa agaagatgtc gagtcttcca 360
 tctttctttg gagattccag caacaacaac ctttcttaca aatattacat ccggggcggtg 420
 cagcacgaaa caccagggga cattaatcag agactcttta atcaaaccaa gtttggtgaa 480
 tttgattacc tatattacct aactctgcaa gtctctggagg aaaactcgta ctgtgacttt 540
 gaagttcagt atgagatcct ccataacgcc gtccactcct ggcttgagg aactggaaaag 600
 tattccatgt ctaccctgga gcattcgccc tttgaccctg tcttcatgat tccaccactg 660
 agtttggaata gaattctgat cctttggcag aagttgcaaa attcagaagt caacccttc 720
 tacgcattgg attgtgctgg cgacagactt atgaaagacc ccttgcattc cttcaactac 780
 gaaaccgtta atgaagatga attcaccgcc atcaactctt tcccaagcat actgtttgac 840
 cactacaggt tcaactatga atacgataac atgagataca ggggtcagga catatcatga 900
 cttgaagagt taattcagga attaagaaac aaagatcgca tatttctgtg tttgttttg 960
 tcgggcttac ggatatcagc tacagtgaat gtattcattc attcgaataa cgatacaagt 1020
 caccgaagaat atgcaggaga atttgacgtt ttgggagggt agaaggagat gccgtgggca 1080
 tatgaagaag tgcgtaaatt ggacatctcc gctgtgtgac acaagcttca cgtgaaagat 1140
 gaagacatcc gttttagagt ggtttgtact gctacaacgc gtgacctgtt taccaccagg 1200
 ctgtctcagc cttcatcgt ccaccgtcca gccactgtgg ctacagacat cttggttaac 1260
 ccagtagtgg cgggccatga ccttcgcctt aaagtctgtg taaagacggg caaccaagtc 1320
 gagtttacac caatagattc gtcggtgaac aaagcaatgg tggagctggg cagctatact 1380

```

gctatggcta aatgcacgtg tcccccttcc tcttaccacg gctttgaact ggacaaagtc 1440
tacagcgctg atcacggaga ctactacatt gctgcaggta cccacgcggt gtgtgagcac 1500
aacctcagcg tccacatcca cgtggaacac gtagtag 1536

```

<210> 88
 <211> 591
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

```

<400> 88
ggtcttcctg actgggagct gacgcagcat ctgactcaac tccagatct ggtgtcagac 60
cccttgtttg tcgacccgga aggaggaaag gcccatgaca acgcatggta tcgtggaaac 120
atcaagtttg agaataagaa gactgcaaga gctgttgacg atcgctcttt cgagaaggtt 180
ggcaggagag agaatacccg actctttgaa ggaattctcg atgctcttga acaggatgaa 240
ttctgcaact tcgagatcca gtttgagttg gctcacaacg ctatccacta cctggttgcc 300
ggcgcgcaca cgtactccat gtctcatctc gactacacct cctacgaccc cctctctctc 360
ctccatcaact ccaaccggga ccgcatcttc gccatctggg aacgtcttca ggtactcaga 420
ggaaaggacc ccaacacccg cgactgcgca cacaacctca tccatgagcc catggaaccc 480
ttccgtcgcc atgagcccat ggaacccgtt cgtcgggact cgaacctctc tgacctcacc 540
agggaaaact ccaaccaaat tgacagcttt gattatgccc accttggtta c 591

```

<210> 89
 <211> 1245
 <212> DNA
 <213> *Haliotis tuberculata*

```

<400> 89
gttacagagg cccagctccc ctccctcggt gctcacctcg ccgtcaggaa ggatatcaac 60
catctgacac gcgagggagt gtacgagctg cgcagagcta tggagagatt ccaggccgac 120
acatccgttg atgggtacca ggctacgggt gactatcacg gcttacctgc tcgatgtcca 180
ttccccgag ccacaaatag gttcgctgtg tgcatccacg gcattggcag atccctcat: 240
tggcacagac tgttcgtcac ccaggtggaa gatgctctga tcaggccgag atcgctcata 300
gggttccctt actgggagct gactcagcct atggcgcatc tccaggagct tcgacacaac 360
gccacctata gagatcccat cagcggggac agcagacaca acccttcca cgaattgtaa 420
gttgcccttg aaaatggacg tacagaacgt caccagata gtatgtgtt tgaacaacct 480
ttatttggca aacatacgcg tctcttcgac agtatagtct atgcttttga gcaggaggaa 540
ttctgcgatt ttgaagtcca atttgagatg acccataata atattcacgc ctggatttgt 600
ggcggcgaga agtatccat gtctctctca cactacacag ccttcgaccc tatcttctac 660
ctctgtcaact ccaacactga ccggctctgg gcaatttggc aagcgttgca gatacgaaga 720
aacaggccctt acaaggctca ttgtgcttgg tctgaggaa gccagcctc caaaccttcc 780
gccttcagtt cccactgaa caacaacgaa aaaacctacg aaaactcggg gccaccacac 840
gtttacgact acgaaggagt ccttggttat acttatgatg acctcaactt cgggggcatg 900
gacctgggtc agcttgagga atacatccag aggcagagac agagagacag gacctttgct 960
ggtttcttct tgtcacatat tggatcatca gcgaatgttg aaatcattat agacctggg 1020
actcttcata cctccgtggg cacgtttgct gttcttggcg gagagaagga gatgaaatgg 1080
ggattttacc gttttgacaa atatgagatt acagatgaac tgaggccaact taatctccgt 1140
gctgatgatg ttttcagcat ctctgttaa gtaactgatg ttgatggcag tgagctgtcc 1200
tctgaactca tcccatctgc tgctatcacc ttogaacgaa gccat 1245

```

<210> 90
 <211> 1251
 <212> DNA
 <213> *Haliotis assimilis*

```

<400> 90
attgaccatc aggacccgca tcatgacaca atcattagga aaaatgttga taatcttaca 60
cccaggagaa ttaattctct gaggcgggca atggcagacc ttcaatcaga caaacccgcc 120

```

ggtggattcc	agcaaattgc	tgcttttcac	ggggaaccca	aatggtgcc	aagtcccgat	180
gctgagaaga	agttctctcg	ctgtgtccat	ggaattggctg	tcttcctcta	ctggcacaga	240
ctctcgaccg	tgcaagcgga	gaatgccctg	agaaaagcatg	gatgtctcgg	agctctcccc	300
tactggggact	ggactcggcc	cctgtctcac	ctacctgatt	tggttttgg	aagtagcaga	360
actacaccga	tgccatattc	caccgtggaa	gcccgaiaacc	cctggtagacg	cggccatatt	420
gatacagttg	gtgttgacac	aacaagaagc	gtccgtcaag	aactgtatga	agctcctgga	480
tttgggcatt	atactggggt	cgctaagcaa	gtgcttctgg	ctttggagca	ggatgacttc	540
tggtattttg	aagtccagtt	tgagatagct	cacaatttca	ttcacgcctc	tgctggcgga	600
agcgagccat	atggtatggc	gtcactccgt	tacactactt	atgatccaat	ttcttacctc	660
catcattcta	acactgacag	actctgggct	atatggcagg	ctctacaaaa	gtacaggggc	720
aaaccttaca	attccgcgaa	ctgcgccatt	gcttctatga	gaaaaacccct	acaacctttt	780
ggctcgactg	atgagatcaa	cccgatgat	gagacaagac	agcatgctgt	tcctttcagt	840
gtcttttgatt	acaagaacaa	cttcaattat	gaatagaca	cccttgactt	caacggcata	900
tcaatctccc	agctggacgt	tgaactgtca	cgagaaaagt	ctcatgacag	agtatttggc	960
ggatttttgc	tacttggtat	gcacagctct	gcactagtta	aattctttgt	ctgcaaatca	1020
gatgatgact	gtgaccacta	tgctggtgaa	ttctacatcc	ttggtgatga	agctgaaatg	1080
ccatggggct	atgatcgctc	ttacaaatat	gagatcactg	agcagctcag	tgccctggat	1140
ctacacatcg	gagatagatt	cttcatcaga	tacgaagcgt	ttgatcttca	tggtacaagt	1200
cttgggaagca	acatcttccc	caaaccttct	gtcatatcatg	acgaaggggc	a	1251

<210> 91

<211> 1242

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 91

ggtcaccatc	aggctgacga	gtacgacgaa	ggtgtaactg	ctgcaagcca	catcagaaaag	60
aattttaaag	atctgtcaaa	gggagaagta	gagagccctaa	ggctgcctct	ccctgcaactt	120
cagacaagcg	gagtcctatga	gaatattgcc	aagttccacg	gcaagctcgct	gtgtgtgtgat	180
gataacggct	gcaaggttgc	ctgttgtgtc	catggaatgc	ccaccttccc	ccagttggcac	240
aggtctctat	tcctccaggt	ggagaatgct	ttgctggaga	gaggatctgc	cgctctcttg	300
ccatactggg	actggactga	aacatttaca	gagctgccat	ctttgattgc	tgaggctacc	360
tatttcaatt	cccgtcaaca	aacgtttgac	cctaactcct	tcttcagagg	taaaatcagt	420
tttgagaatg	ctgtttacaac	acgtgatccc	cagcctgagc	gtactgttaa	caggctactc	480
taccaaaagc	tactgttgg	ttttgaacag	gacaaactac	gcgaacttca	gatacagttt	540
gagatgggtc	acaatgttct	ccatgcttgg	cttgggtggaa	gagctactta	ttctatttct	600
tcctttgatt	attctgactt	gcaccctgtg	tttttccctc	accatgcgaa	cacagataga	660
ttgtggggcca	tctggcagga	gctgcagagg	tacaggaaga	agccatacaa	tgaagcggat	720
tggtgcattt	acctaatgcg	caaacctcta	catccctctc	acaaacagta	tctcaatcat	780
gatcctgtaa	cttttaataa	ctcaaaaccc	actgatggct	ttgactacca	gaacaaactt	840
ggatcaaatg	atgacaaacct	tgagttcaat	catttcagta	ttccaggct	tgaagaaatc	900
attcgtatta	gacaaactga	agatcgtgtg	tttgcaggat	tcctctctta	caacattggg	960
acatccgcaa	ctgtttgagt	attcgtctgt	gtccctacca	ccagcgggtga	gcaaaactgt	1020
gaaaacaaag	ccggaacatt	tgccgtactc	ggagagagaa	cagagatggc	gtttcatttt	1080
gacagactct	acaggtttga	catcagtgaa	acactgaggg	acctcggcat	acagctggac	1140
agccatgact	tgaccctcag	catcaagatt	caaggagtaa	atggatccta	ccttgatcca	1200
cacatctctg	cagagccatc	cttgattttt	gtgctggttt	ca		1242

<210> 92

<211> 1257

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 92

agttcttttc	tgccgtcctga	tgggcattca	gatgacatcc	ttgtgagaaa	agaagtgaac	60
agcctgacaa	ccaggagagc	tgcatctctg	atccatgctc	tgaaaagat	gcagggaagc	120
cattcacctg	acgggttcca	agccattggc	tctttccatg	ctctgccacc	actctgcctt	180

tcaccatctg	cagctccaccg	ttatgcttgc	tgtgtccacg	gcattggctac	atttccccag	240
tgccacagat	gtgtacactgt	acagttccag	gagcactga	ggagacatgg	agctacggta	300
gggtgtaccgt	attgggattg	gctgcgacgg	cagctctacc	taccagagct	tgctcaccatg	360
gagacatacc	atgatatttg	gagtaacaga	gatttcccca	atcctttcta	ccaagccaat	420
attgagtttg	aaggagaaaa	cattacaaca	gagagagaag	tcattgcaga	caaaactttt	480
gtcaaaagggt	gacacgtttt	tgataaaactg	gttcttcaaa	caagccatcc	tagcgctgag	540
caggaaaaact	actgtgactt	tgagattcag	tttgaatttc	ttcacaacgg	cgttcacacg	600
tgggtcggag	cgagtcgtac	ctactctatc	ggacatcttc	attacgcatt	ctacgacctc	660
cttttctacc	ttcaccattt	ccagacagac	cgtatttggg	caatctggca	agaactccag	720
gaacagagag	ggctctcggg	tgatgagct	cactgtgctc	tcgagcaaat	gagagaacca	780
ttgaagcctt	tcagcttcgg	cgctccttat	aactggaatc	agctcacaca	ggatttctcc	840
cgacccgagg	acaccttcga	ctacaggaag	tttggttatg	aatatgacaa	tttagaatcc	900
ctgggaatgt	cagttgtctga	actggatcaa	tacattattg	aaatcaaga	aaatgataga	960
gtattcgtgt	ggttcctgtt	gagtggtatc	ggaggttccg	catcagttaa	tttcagggtt	1020
tgtagagctg	attccacatg	tcaggatgct	gggtacttca	ccgttcttgg	tggcagtgct	1080
gagatggcgt	gggcatattga	cagggctttac	aaatgatgaca	ttactgaaac	tcctggagaaa	1140
atgcaccttc	gatattgatga	tgacttcaca	atctctgtca	gtctgaccgc	caacaacgga	1200
actgtctctga	gcagcagctc	aatcccaaca	ccgagtggtca	tattccacgc	gggagcat	1257

<210> 93

<211> 1248

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 93

cgtagacataa	ataccaggag	catgtccaccg	aaccgtgttc	gccgtgagct	gagcgatctg	60
tctgcgaggg	acctgtctag	tctcaagtct	gctctgcgag	acctacagga	ggatgatggc	120
cccaacggat	accaggctct	tgacgctctc	catggggtac	cagcagggctg	ccatgatagc	180
cggggaaatg	agatcgcatg	ttgcattcac	gggatgcgga	cgctccccc	gtgggacaga	240
ctgtacaccc	tgacgttggg	gatggctctg	aggagacatg	gatcatctgt	cgccatcccc	300
tactgggagt	ggacaaaagg	tatctccgaa	ctcccctcgc	tttccaccag	ccctgagtat	360
tatgaccat	ggcatgtatgc	tgtggttaac	aaccattctt	ccaaagggtt	tgctcaaat	420
gcataacat	acacagtaag	agaccacag	gagatgtgtg	tccagctttg	tgaacatgga	480
gagtcacat	tctatgagca	aactcttctt	gctcttgagc	aaaccgacta	ctgtgatttt	540
gaggtacagt	ttgaggtcct	ccataacgtg	atccactacc	ttgttgggtg	acgtcagacc	600
tacgcattgt	cttctctgca	ttatgctctc	tacgaccat	tctcttctt	acaccattcc	660
tttgggata	agatgtgggt	agtatggcaa	gctcttcaaa	agaggaggaa	acttccatac	720
aagcgagctg	actgtgtgtg	caacctaatg	actaaaccaa	tgaggccatt	tgactccgat	780
atgaatcaga	acccattcac	aaagatgcac	gcagttccca	acacactcta	tgactacgag	840
acactgtact	acagctacga	taatctcgaa	ataggtggca	ggaattctga	ccagcttcag	900
gctgaaattg	acagaagcag	aagccacgat	cgctgttttg	ctggattctt	gcttcgtgga	960
ctcggaactt	ctgctgatgt	caggttttgg	attttgtagaa	atgaaaatga	ctgccacagg	1020
gtgtggaata	ttttcatctt	aggtggagcc	aaggaaaatgc	catggctcat	tgacagaaaa	1080
ttcaagtttg	atatacccca	tgactctgag	atagctggca	ttagcccaga	ggacgtgttt	1140
gatgctgag	agccatttta	tatcaaggtt	gagatccatg	ctgttaacaa	gaccatgata	1200
ccgtcgtctg	tgatcccagc	cccaactatc	atctattctc	ctggggaa		1248

<210> 94

<211> 1206

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 94

ggtcgcgctg	ctgacagtgc	gcactctgcc	aacattgctg	gctctggggg	gaggaaggac	60
gtccacgccc	tcactgtgtc	tgagaccgag	aacctaaagac	aggctcttca	aggtgtctatc	120
gatgatactg	gtcccaatgg	ttaccaagca	atagcatctc	ttccaggaag	tcctccaatg	180
tgcgagatga	acggcggcaa	ggttgctgtg	tgtgctcacg	gtatggcctc	cttcccacac	240

82

tggcacagac	tgtatgtgaa	gcagatggaa	gatgccctgg	ctgaccaccg	gtcacatatc	300
ggcatccctt	actgggactg	gacaactgcc	ttcacagagt	taccgcgcct	tgctcacagac	360
tccgagaaca	atcccttcca	tgagggtcgc	attgatcatc	tcggtgtaac	cacgtcacgt	420
tcccccagag	acatgtctgt	taacgaccca	gagcaaggat	cagagtctgt	cttctataga	480
caagtctctc	tggtcttgga	gcagactgac	tactgtccagt	tcgaagtctt	gttttagactg	540
accacacaac	ccattcactc	ctggacaggt	ggacgtagcc	cttacggaa	gtcgaccctc	600
gagttcacag	cctacagatc	tctcttctgg	cttaccact	ccaacaccga	cagaactctgg	660
gctgtctggc	aagcactgca	gaaataccga	ggactcccat	acaacgaagc	acactgtgaa	720
atccagggtt	tgaacagacc	cttgaggcca	ttcaacgatg	acatcaacca	caatccaatc	780
accaagacta	atgccaggcc	tatcgattca	tttgattatg	agaggtttaa	ctatcagtat	840
gacaccctta	gcttccatgg	taagagcatc	cctgaactga	atgacctgct	cgaggaaga	900
aaaagagaag	agagaacatt	tgctgccttc	cttcttcgtg	gaatcggttg	cagtgtctgat	960
gtcgtctttg	acatctgccg	gcccaatggt	gactgtgtct	ttgcaggaa	ctttgtctgtg	1020
ctggggaggg	agctagaaat	gccttggtcc	ttcgacagac	tgttcccgta	tgacatcacc	1080
agagtcatga	atcagctcca	tctccagtat	gattcagatt	tcagtttcag	gggtgaagctt	1140
gttgccacca	atggcactga	gctttcatca	gaccttctca	atgcaccaac	aattgaacat	1200
gaactt						1266

<210> 95

<211> 1548

<212> DNA

<213> *Haliotis tuberculata*

<400> 95

ggagcccaca	gaggaccagt	tgaagaaaca	gaagtcactc	gccaacatac	tgacggcaat	60
gcacactttt	atcgtaagga	agttgattcg	ctgtccctgg	atgaagcaaa	caacttgaag	120
aatgcctctt	acaagctaca	gaacgaccac	agtctaacgg	gatacgaagc	aatctctggt	180
taccatggat	accccaatct	gtgtccggaa	gaaggcgatg	acaaaaatac	cctgctgcgt	240
ccccggatgg	gcactcttcc	ttactggcac	agactcttga	ccattcaact	ggaagagagt	300
cttgagcaca	atgggtgcact	gcttggtggt	ccttactggg	actggaacaa	ggacctgtgc	360
ctactgcggg	cgttcttctc	cgactccagc	aacaacaatc	cctacttcaa	gtaccacatc	420
gccggtgttg	gtcacagcac	cgctcagagag	ccaactagtc	ttatatataa	ccagggccaa	480
atccatgggt	atgattatct	ctattacccta	gcattgacca	cgcttgaaga	aaacaattac	540
tgggactttg	aggttcagta	tgagatccctc	cacaacggcg	tccactcctg	gcttggagga	600
tcccagaagt	atttccatgtc	tacctggag	tattcggcct	ttgacctgtg	ctttatgatc	660
cttcaactgg	gtctagacag	actttggatc	atctggcaag	aaacttcagaa	gatcaggaga	720
aagccctaca	actctgctaa	atgtgcctat	catatgatgg	aagagccact	ggcgccctac	780
agctatccat	ctatacaacca	ggacgagttc	acccgtgcc	actccaagcc	ttctacagtt	840
tttgacagcc	ataagttcgg	ctaccattac	gataacctga	atgttagagg	tcacagcatc	900
caagaactca	acacaatcat	caatgacttg	agaaacacag	acagaatcta	cgcaggattt	960
gttttgtcag	gcactcgttac	gtctgctagt	gtcaagatct	atctccgaac	agatgacaat	1020
gacgaagaag	ttggaacttt	cactgtcctg	ggagagagaga	gggaaatgcc	atgggacctc	1080
gagcgagttt	tcaagtatga	catcacagag	gttgagata	gacttaaaat	taagtatatg	1140
ggacaccctt	taacttccgg	aactggagat	cacatcctta	cgaatggaat	cggtggtaaa	1200
caagagccta	cccaaatcct	ttcatcatct	acagacctgc	caatcatgac	tacgatgttc	1260
ttgttatccc	agtanggaag	aaaccttcac	atccctccca	aagtgtgtgt	caagaaggcc	1320
accgcgcatc	agttccacc	agtcgatgat	tcagttacga	gaccagttgt	tgactcttga	1380
agctacactg	cactcttcaa	ctgtgtgtga	ccaccgttca	cataccacgg	attcgaaactg	1440
aaccacgtct	attctgtcaa	gcctgtgtgc	tactatgtta	ctggaccacc	gagagacctt	1500
tgccagaatg	cagatgtcag	gattcatatc	catgttgagg	atgagtaa		1548

<210> 96

<211> 966

<212> DNA

<213> *Megathura crenulata*

<400> 96

```

ggcctaccgt actgggagctg gactgaaccc atgacacaca ttccgggtct gccaggaaac 60
aaaaatttag tggatttcta tgggtgatcc cacacaaatc cttttcatag ttccagtatt 120
gcatttgaag aaaaatgtccc ccacacccaaa agacaaatag atcaaaagact ctttaaaccc 180
gctacctttg gacaccacac agacctgttc aaccagattt tgtatgcctt tgaaacaaga 240
gattactgtg accttgaagt ccaatttgag attaccata acacgattca cgtttggaca 300
ggaggaaagc aacattttctc aatgtcgtcc ctacattaca cagctttcga tcctttgttt 360
tactttcacc attctaactg tgatcgtctt tggggcgttt ggcaagcctt acagatgaga 420
cggcataaac cctacagggc ccactgcgcc atatctctgg aacatatgca tctgaaacca 480
ttcgcctttt catctccctc taacaataac gaaaagactc atgccaatgc catgccaaac 540
aagatctacg actatgaaaa tgcctcccat tacacatacg aagatttaac atttggagcg 600
atctctctgg aaaaataga aaagatgatc cagcaaaacc agcaagaaga cagaatatat 660
gccggttttc tcttggtcgg catcgtactc tcagcaaatg ttgatatctt cattaaaact 720
accgattccg tgcaacataa ggctggaaca ttgcagtg cgggtggaag caaggaaatg 780
aagtggggat ttgatcgctg ttccaagttt gacatcacgc acgttttgaa agatctcgat 840
ctcactgctg atggcggttt cgaagttaact gttgacatca gttgaagtcg ttgaaactaa 900
cttgcattca gtctatttcc acatgcttct gtcattcgtg agcatgcacg ttgtaagctg 960
aataga

```

<210> 97

<211> 1242

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 97

```

gttaaaattg acaaaagtgc aaggagtcgt cttattcgaa aaaatgtaga ccgtttgagc 60
cccgaggaga tgaatgaact tcgtaaagcc ctacgcctac tgaagaggga caaaagtgc 120
ggtggatttc agcagctgtg tgcatcccat ggggagtgcc aatgctgtcc tagtcccgaa 180
gcattctaaa aatttgctcg ctgtgttcac ggcatgtctg tgttcctcca ctggcatgca 240
ctgttgacgg ttacagagta aaatgctttg agcagacatg gtcacagatg agctttgcg 300
taactgggatt ggacctctcc tcttaatcac cttcccgaa cgttcagatca tgagaagtac 360
gtcgaccctg aagatggggg agagaagcat aacccttggt tcgatggta ttagatata 420
gtcgacaaaa caacaacaag aagtgttcag ataaaactc tcgaacagcc tgagtttggt 480
cattatacaa gcattgccaa acaagtactg ctacgcttgg aacaggacaa tttctgtgac 540
tttgaaatcc aatatgagat tgcccataac tacatccatg cacttgtagg aggcgctcag 600
ccttatggta tggcatcgct tcgctacact gcttttgatc cactattcta cttgcatcac 660
tctaatacag atcgtatatg ggcaatatgg caggctttac agaagtacag aggaaaaaccg 720
tacaacgttg ctaactgtgc tgtttacatg atgagagaac ctttgcaacc atttgcctc 780
cttgccaata tcaacacaga ccatgtaacc aaggagcatt cagtgcattt caacgtttt 840
gattacaaga ccaatttcaa ttatgaatat gacactttgg aatttaacgg tctctcaatc 900
tctcagttga ataaaaagct cgaagcgata aagagccaag acaggttctt tgacggcttc 960
ctgttatctg gtttcaagaa atcatctctt gttaaattca atatttgac ccatagcagc 1020
aactgtcacc ccgctggaga gttttacott gttgggtgat aaaaagagat gccatgggca 1080
tacgatagag tcttcaataa tgacataacc gaaaaactcc acgatctaaa gctgcatgca 1140
gaagaccatt tctacattga ctatgaagta ttgacctta aaccagcaag cctgggaaaa 1200
gatttgttca agcagccttc agtcattcat gaaccaagaa ta 1242

```

<210> 98

<211> 1236

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 98

```

ggtcaccatg aaggcgaagt atatcaagct gaagtaactt ctgccaaccc tattcgaaaa 60
aacattgaaa atctgagcct tgggtgaactc gaaagtctga gagctgcctt cctggaaatt 120
gaaaacgatg gaacttacga atcaatagct aaattccatg gtacgctctg tttgtgccag 180
ttaaatgtta accccatccc ttgttgtgtc catggcatgc caactttccc tcatgggac 240
agactgtacg tggttgtcgt tgagaatgcc ctctcgaaaa aaggatcatc ttagctgttt 300

```



```

ccctattggg actggacaaa acgaatcgaa catttacctc acctgatctc agacgccact 360
tactacaatt cagggacaaca tcactatgag acaaaacccat tccatcatgg caaaatcaca 420
cacgagaatg aaatcactac tagggatccc aaggacagcc tcttccattc agactacttt 480
tacgagcagg tcccttacgc ctgtggagcag gataacttct gtgatttcga gattccagttg 540
gagatattac acaatgcatt gcattcttta ctgtgtggca aaggtaataa ttccatgtca 600
aaccttgatt acgctgcttt tgatcctgtg ttcttctctc atcacgcaac gactgcacaga 660
atctggggcaa tctggcaaga ccttcagagg ttccgaaaaa gcccataccg agaagcgaa 720
tgcgctatcc aattgatgca cagccactc cagccgtttg ataagagcga caacaatgac 780
gaggcaacga aaacgcacgc cactccacat gatggttttg aatatcaaaa cagcttttgt 840
tatgcttacg ataactctgga actgaatcac tactcgattc ctcagcttga tcacatgtctg 900
caagaaagaa aaaggcatga cagagtattc gctggcttcc tccttcacaa tattggaaca 960
tctgcccagtg gccatgtatt tgtatgtctc ccaactgggg aacacacgaa ggactgcagt 1020
catgaggctg gtatgttctc catcttaggc ggtcaaacgg agatgtcctt tgtatttgac 1080
agactttaca aacttgacat aactaaagcc ttgaaaaaga acggtgtgca cctgcgaagg 1140
gatttcgac tggaattga gattacggct gtgaatggat ctcatctaga cagtcatgtc 1200
atccactctc ccactatact gtttgaggcc ggaaca 1236

```

<210> 99

<211> 1257

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 99

```

gattctgcc acacagatga tggacacact gaaccagtga tgattcgcaa agatatcaca 60
caattggaca agcgtcaaca actgtcactg gtgaaagccc tcgagtcctt gaaagccgac 120
cattctatcg atgggttcca ggcaatcgct tccttccatg ctcttctctc tcttctgtcca 180
tcacagctg cttcaaaagag gtttgcgtgc tgctgtccatg gcatggtcaac gtgtccacaa 240
tgggcaccgt tgtacacagt ccaattccaa gattctctca gaaaacatgg tgcagtcgtt 300
ggacttcgt actgggactg gaccctacct cgttctgaa taccagagct ctgagccgtc 360
tcaactattc atgacccgga gacaggcaga gatataccaa atccatttat tggttctaaa 420
atagagtttg aaggagaaaa cgtacatact aaaagagata tcaataggga tcgtctctct 480
cagggatcaa caaaaacaca tcataacttg ttatttgagc aagcactgtt tctcttgtga 540
caaaccaact actgcgactt cgaggttcag ttgaaatta tgcataatgg tgttcatacc 600
tgggttggag gcaaggagcc ctatggaatt ggccatctgc attatgctc ctatgatcca 660
cttttctaca tccatcactc ccaactgat cgtatttggg ctatattggca atcgttgcag 720
cgtttcagag gactttctgt atctgaggct aactgtgtgt taaatctcat gaaaactcct 780
ctgaagcctt tcagcttttg agcaccatat aatcttaatg atcacacgca tgatttctca 840
aagcctgaag atacatttga ctaccaaaag ttggatata tatatgacac tctggaattt 900
caggggtgtg caattcgttg cattgacctt attgtccgta acaggcagga cactcaagg 960
tctcttgcg gattcttctt tgaaggattt ggcacctctg ccactgtcga tttccaggtc 1020
tgtcgcacag cgggagactg tgaagatgca gggctactta ccgtgttggg aggtgaaaaa 1080
gaaattgcctt gggcctttga tcggctttac aagctacgaa taacgagaac cttagacaa 1140
atgaaccttc gacatgacga aatcttccag attgaagtaa ccattacatc ctacgatgga 1200
actgaactcg atatggcctt tattcccaca ccgtcaatca tctatgatcc tgctcatc 1257

```

<210> 100

<211> 1254

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 100

```

catgatatta gttgcaccca cctgtcgtct aacaagggttc gtcattgatct gagtacactg 60
agtggagcag atattggaag ccttaaatat gcttttagca gcttgcaagg agatacctca 120
cgagatgggt ttgtctggat tgcactcctc ctggctctgc ctgccaaatg taatgacagc 180
cacaataaag aggtggcact ctgtatccat ggaatgccta cactccccca ctggcacaga 240
cttcacacc ttcaatttga gcaagctcta agaagacatg cctctagtgt agcagatccc 300
tactgggact ggacaaagcc aatacataat attccacatc tgttcacaga caaagaatac 360

```

tacgatgtct	ggagaaataa	agtaatgcc	aatccatttg	cccaggggta	tgtccccctca	420
cacgatatac	acacggtaag	agacgtccaa	gaaggcctgt	tccacctgac	atcaacgggt	480
gaacactcag	cgcttctgaa	tcaagctctt	ttggcgctgg	aaacagacga	ctactcgat	540
tttgagctcc	agtttgaagt	catgcacaac	acaatccatt	acctagtggg	aggacctcaa	600
gtctattctt	tgatccct	tcattatgct	tcatatgac	cgatcttctt	catacaccac	660
tcctttgtag	acaaggtttg	ggctgtctgg	cagggtcttc	aaagaaagag	aggccttcca	720
tcagaccgtg	ctgactcgcc	tgtagtctg	atgactcaga	acatgaggcc	tttccattac	780
gaaattcaac	ataaccagtt	caccaagaaa	catgcagttc	caaatgatgt	tttcaagtac	840
gaaactcctg	gttacagata	cgacaatctg	gaaatcggtg	gcatgaattt	gcatgaaatt	900
gaaaggagaa	tcaaagacaa	acagcaccat	gtgagagtgt	ttgcagggtt	cctccttacc	960
ggaattagaa	cctcagctga	tgccaatttc	cagatttgta	aaacatcaga	agattgtcac	1020
catggaggcc	aaatcttctg	tcttgggggg	actaaagaga	tgccctggcg	ttataaccgt	1080
tatttcaagt	acgatattac	ccatgctctt	catgacgcac	acatcactcc	agaagacgta	1140
ttccatccct	ctgaaccatt	cttcatcaag	gtgtcagtga	cagccgtcaa	cggaacagtt	1200
cttcggcgctt	caatcctgca	tgccaacac	attatctatg	aaactgtgct	cggt	1254

<210> 101

<211> 510

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 101

gaccatcacg	aaagatcatca	ttctttctct	atggctggac	atgggtgtcag	aaaggaaatc	60
aacacactta	ccactgcaga	ggtggacaat	ctcaaaagatg	ccatgagagc	cgctcatggca	120
gaccacggctc	caaatggata	ccaggctata	gcagcgcttcc	atggaaaccc	accatgtgtgc	180
cctatgcagc	atggaaagaa	ttactcgtgt	gtgacacagt	gcatggctac	tttccccacc	240
tgccacagac	tgtagacaaa	acagatggaa	gatgccttga	ccgcccatgg	tgccagagtc	300
ggccttctct	actggggagg	gacaactgcc	tttacagctt	tgccaactgtt	gttccacagat	360
gaagaggaca	atcctttcca	tcatggtcac	atagactatt	tgggagtggg	tacaactcgg	420
tcgccccgag	acaagtgtgt	caatgatcca	gagcgaggat	cagaatcgtt	cttctacagg	480
caggtttctt	tggtttctga	gcagacagat				510

<210> 102

<211> 942

<212> DNA

<213> Megathura crenulata

<400> 102

ggcctgcctc	actgggagttg	gaccatgcc	atgagtcatt	tgccagaact	ggctacaagt	60
gagactctacc	tcgattccagt	tactggggaa	actaaaaaca	accctttcca	tcagcccaa	120
gtggcgcttg	aaaatggtgt	aacaagcagg	aatcctgatg	ccaaactttt	tatgaaacca	180
acttacggag	accacactta	ctctctcgac	agcatgatct	acgcatttga	gcaggaagac	240
ttctgcgact	ttgaagtcca	atatagctc	acgcataatg	caatacatgc	atgggttggg	300
ggcagtgaaa	agtattcaat	gtcttctctt	cactacactg	cttttgatcc	tatatattac	360
ctccatcact	caaatgttga	tcgtctctgg	gccatttggc	aagctcttca	aatcaggaga	420
ggcaagtctt	acaaggccca	ctgcgcctcg	ttccaagaaa	gagaaccatt	aaagcctttt	480
gcatttcagtt	ccccactgaa	caacaacgag	aaaacgtacc	acaactctgt	ccccactaac	540
gtttatgact	atgtggggagt	tttgactat	cgatatgatg	accttcagtt	tgccgggtatg	600
accatgtcag	aacttgagga	atatattcac	aagcagacac	aacatgatag	aactcttgca	660
ggattcttct	tttcatatga	tggaacatca	gcaagcgtag	atatcttctc	aatcggagaa	720
ggtcatgata	aatacaaaagt	gggaagtttt	gtagtacttg	gtggatccaa	agaaatgaaa	780
tgggggcttg	atagaatgta	caagtatgag	atcactgagg	ctctgaagac	gctggaattgt	840
gcagtgatgc	atgggttcag	cattactgtt	gagatcacgc	atgttgatgg	atctccccca	900
tctgcagatc	tcatccacc	tcctgtcata	atctttgaac	gt		942

<210> 103
 <211> 1248
 <212> DNA
 <213> Megathura crenulata

<400> 103

gctgatgcca	aagacttttg	ccatagcaga	aaaatcagga	aagccgttga	ttctctgaca	60
gtcgaaagac	aaacttcgtt	gaggcgagct	atggcagatc	tacaggacga	caaaacatca	120
gggggtttcc	agcagattgc	agcattccac	ggagaaccaa	aatggtgtcc	aagccccgaa	180
gcggagaaaa	aatttgcatg	ctgtgttcat	ggaatggctg	ttttccctca	ctggcacaga	240
ttgtctgacg	ttcaaggaga	aaatgctctg	aggaacatg	gctttacttg	tggactgccc	300
tactgggact	ggactcgatc	aatgagcgcc	cttccacatt	ttgtgtctga	tcctacttac	360
aatgatgcta	tttccagcca	ggaagaagat	aaacctatgg	atcatgtgtc	catagactct	420
gttggggcatg	atactacaag	agatgtgcgt	gatgatcttt	atcaatctcc	tgggttcggg	480
cactacacag	atattgcaaa	acaagtctct	ctggcctttg	agcaggacga	ttctgtgat	540
tttgaggtag	aatttgaaat	tgcccataat	ttcatacatg	ctctggtttg	tggtaacgaa	600
ccatacagta	tgtcatcttt	gaggtatact	acatacagtc	caatctctct	cttgcaaccg	660
ttcaatacag	accgactttt	ggccattttg	caagctttgc	aaaaataccg	ggggaaacca	720
tacaacactg	caaaactgtg	cattgcattc	atgagaaaaa	cacttcagcc	atttgtgttt	780
gatagtgtca	taaatccaga	tgacgaaact	cgtgaacatt	cggtctcttt	ccgagtcttc	840
gctcacaga	acaacttoga	ctatgagtat	gagagccttg	catttaatgg	tctgtctatt	900
gcccaactgg	accgagatgt	gcagagaaga	aagtcacatg	acagagtctt	tcgaggattc	960
cttcttcctg	aaattggaca	gtctgcactc	gtgaaattct	acgttttgcaa	acacaatgta	1020
ttctgactgt	accatttata	tggagaattc	tacatttttg	gagatgaagc	tgagatgctt	1080
tggaggtatg	accgtgtgta	caagtacgag	ataacacagc	agctgcacga	tttagatcta	1140
catgttgtag	ataatttctt	ctttaaatat	gaagcctttg	atctgatttg	cggaagtctt	1200
ggtggaagta	tcttttctca	gccttcggtg	attttcgagc	cagtgtga		1248

<210> 104
 <211> 1257
 <212> DNA
 <213> Megathura crenulata

<400> 104

ggttcacacc	aggctgatga	atatcgtgag	gcagtaacaa	gcgctagcca	cataagaaaa	60
aatatccggg	accctctcaga	gggagaattt	gagagcatca	gatctgcttt	ctcccaaat	120
caaaaaaggg	gtatatatga	aaacatttga	aagtctccatg	gaaaaccagg	actttgtgaa	180
catgatggac	atccctgttgc	ttgtgtgtgc	catggcatgc	ccacctttcc	ccactggcac	240
agactgtacg	ttctctcagg	ggagaatcgc	ctcttagaac	gagggtctgc	agttgtctgt	300
ctcttactgg	actggaccga	gaaagctgac	tctctgccat	cattaatcaa	tgatgcaact	360
ttttcaattt	cacgatccca	gacctttgat	cttaactcct	cattcagggg	acataattgc	420
ttcgagaatg	ctgtgacgtc	cagagatcct	cagccagaa	tatgggacaa	taaggacttc	480
tacgagaatg	tcatgctggc	tcttgagcaa	gacaacttct	gtgactttga	gattcagctt	540
gagctgatac	acaacgcacct	tcaattctaga	cttggaggaa	gggctaaata	ctccctttcg	600
ttctcttgat	ataccgcatt	tgatcctgta	tttttctctc	accatgcmaa	cgttgacaga	660
atctgggccca	tctggcagga	cttgcagaga	tatagaaaaga	aacctacaaa	tgaggctgac	720
tgccgcagtc	acgagatgcy	taaactctct	caaccattta	ataaccacga	acttaacagt	780
gattccatga	cgcttaaaaca	caacctccca	caagacagtt	ttgattatca	aaaccgcttc	840
aggtaccaat	atgataacct	tcaatttaac	cacttcagca	tacaaaagct	agaccaactt	900
attcaggcta	gaaaaacaaca	cgacagagtt	tttgcgtgct	tattctctca	caacattggg	960
acatctgctg	ttgtagatat	ttatatttgc	gttgaacaag	gaggagaaca	aaactgcaag	1020
acaaaggcgg	gttcctctcac	gattctgggg	ggagaaacag	aaatgccatt	ccactttgac	1080
cgctgtgata	aatttgacat	aacgtctgct	ctgcataaac	ttggtgttcc	cttggacgga	1140
catggattcg	acatacaagt	tgacgtcaga	gctgtcaatg	gatcgcaatc	tgatacaaac	1200
atcctcaacg	aaccgagctt	gctttttgtt	cctgtgtgaac	gtaagaatat	atattat	1257

<210> 105
 <211> 1239
 <212> DNA
 <213> Megathura crenulata

<400> 105
 gatgggcttt cacaacataa tcttgtgcga aaagaagtaa gctctcttac aacactggag 60
 aaacattttt tgagggaagc tctcaagaac atgcaagcag atgattctcc agacggatat 120
 caagctattg cttctttcca cgtcttgctt cctctttgtc caagtccatc tgtctgcacat 180
 agacacgctt gttgcctcca tggatgtgct accttccctc agtggcacag actctacaca 240
 gttcagttcg aagattcttt gaaacgcacat ggttctattg tcggacttcc atattgggat 300
 tggctgaacg cgcagctcgc actccctgat ttggtgacac aggagacata cgagcacctg 360
 ttttccacac aaaccttccc aaatccgttc ctcaaggcaa atatagaatt tgaggggag 420
 ggaagtaacaa cagagaggga tgttgatgct gaacacctct ttgcaaaagg aaatctggtt 480
 tacaacaact ggttttgcac tcaggcacta tatgcactag aacaagaaaa ttactgtgac 540
 tttgaaatac agttcgaat tttgcataat ggaattcatt catgggttgg aggatcaaa 600
 acccattcaa taggtcatct tcattacgca tcatacgatc cactgttcta tatccaccat 660
 tcgcagacag atcgcatctg ggctatctgg caagctctcc aggagcacag aggtctttca 720
 gggaaggaaag cacactcgc cctggagcaa atgaaagacc ctctcaaac ttccagcttt 780
 ggaagtccct ataatttgaa caaacgcact caagagtct ccaagcctga agacacatt 840
 gattatcacc gattcgggta tgagtatgat tccctcgaat ttgttggcat gtctgtttca 900
 agtttatac actataataa acaacaacag gaagctgata gagtcttcgc aggatctctt 960
 cttaaaggat ttggacaatc agcatccgta tcgtttgata tctgcagac agaccagagt 1020
 tgccaagaag ctggatactt cctagtttgc ggtggaagt cagaaatgcc ttggcagttt 1080
 gacagctttt acaagtacga cattacaaaa acgttgaaag acatgaaact gcgatcacg 1140
 gacacattta ccatcaaggt tcacataaag gatatagctg gagctgagtt ggacagcgat 1200
 ctgattccaa ctccttctgt tctccttgaa gaaggaaag 1239

<210> 106
 <211> 1251
 <212> DNA
 <213> Megathura crenulata

<400> 106
 catgggatca atgtacgtca cgttggtcgt aatcggatc gtatggaact atctgaactc 60
 accgagagag atctcgccag cctgaaatct gcaatgaggt cctcacaagc tgacgatggg 120
 gtgaacgggt atcaagccat tgcatacttc cacggctctcc cggcttcttg tcacgatgat 180
 gaggggacat agattgctgt ttgtatccac ggaatgccag tatctccaca ctggcacag 240
 ctttaccacc tgcataatgga catggctctg ttatctccag gattctctgt gtgtattcca 300
 tactgggact ggaccaaac tatcagcaaa ctgcctgatc tcttcaccag ccttgaatat 360
 tacgattcctt ggagggatgc agttgtcaat aatccatttc cttaaaggcta caataatcc 420
 gaggacgctt acacgggttag ggtactctag gacattttgt accacttgca ggacgaaacg 480
 ggaacatctg ttttgttaga tcaaaactctt ttgactcttag agcagacaga tttctgtgat 540
 tttaggggtc aatttgaggt cgtccataat gctattcact acttggtggg ttgtcgacaa 600
 gttttatgctc tttcttctca acactatgct tcatacgacc cagccttctt taattcatc 660
 tctttgtgtg ccaaaaatag ggcagtctgg caagctctgc aaaagaagag aaacgctccc 720
 tatcataaag cggattgtgc tcttaacatg atgaccaaac caatgcgacc atttgacac 780
 gatttcaatc acaatggatt cacaataatg cacgcagtc ccaacactct atttgacttt 840
 caggaccttt tctacacgta tgacaactta gaaattgctt gcatgaaagt taactcagtt 900
 gaagcggaaa tcaaccggcg aaaaagccaa acaagagctc ttgccggggt cctctacat 960
 ggcatggaaa tgcagctgta tgtacgattt tggatttgca agacagctga cgaactgccac 1020
 gcatctggca tgatctttat cttaggaggt tctaagaga tgcactgggc ctatgacag 1080
 aaactttaat acgacatcac ccaagctctg aaggctcagt ccatacaccc tgaagatgtg 1140
 ttgacactgt atgctctctt cttcattaaa tggcagggtcc atgtgttaaa caagactgct 1200
 ctcccatctt cagctatccc agcacctact ataactact cagctggtga a 1251

<210> 107
 <211> 1185
 <212> DNA
 <213> Megathura crenulata

<400> 107
 gatcatattg ctggcagtg agtcaggaaa gacgtgacgt ctcttaccgc atctgagata 60
 gagaacctga ggcattgctt gcaaaagcgtg atggatgatg atggacccaa tggattccag 120
 gcaattgctg cttatcacgg aagtcctccc atgtgtcaca tgcntgatg tagagacgtt 180
 gcatgttgta ctcattggaat ggcattcttc cctcactggc acagactgtt tgtgaaacag 240
 atggaggatg cactggctgc gcatggagct cacattggca taccatactg gggattggaca 300
 agtgcgttta gtcatctgcc tgccctagtg actgaccacg agcacaatcc ctccaccac 360
 ggacattatg ctcattcgaa tgtggatata tctgatctc cgagagacat gctgttcaat 420
 gaccccgaa acgggtcaga atcattcttc tatagacagg ttctcttggc tctagaacag 480
 acagacttct gccaatgtga agttcagttt gaaataacac acaatgcaat ccactcttg 540
 actggaggac atactccata tggaaatgtc tcaactggaat atacagcata tgateccactc 600
 tttatctcc accattccaa cactgatcgt atctgggcca tctggcaggc actccagaaa 660
 tacagaggtt ttcaatacaa cgcagctcat tgcgatatcc aggttctgaa acaacctctt 720
 aaaccattca gcgagtcagg gaatccaaac ccagtcacca gagccaattc tagggcagtc 780
 gattcatttg attatgagag actcaattat caatagaca cacttacctt ccacggacat 840
 tctatctcag aacttgatgc catgcttcaa gagagaaaaga aggaagagag aacatttgca 900
 gccttctctg tgcacggatt tggcgccagt gctgatgtt cgtttgatgt ctgcacacct 960
 gatggtcatt gtgcctttgc tggaaacctc gcggtacttg gtggggagct tgagatgcc 1020
 tggctccttg aaagattgtt ccgttacgat atcacaaagg ttctcaagca gatgaattt 1080
 cactatgatt ctgagttcca ctttgagttg aagattgttg gcacagatgg aacagaactg 1140
 ccatcgatc gtatcaagag ccttaccatt gaacaccatg gagga 1185

<210> 108
 <211> 309
 <212> DNA
 <213> Megathura crenulata

<400> 108
 ggtcacgac acagtgaacg tcacgatgga ttttccagga aggaagtcg ttcctgtcc 60
 ctggatgaag ccaatgacct taaaatgca ctgtacaagc tcgagaatga tcagggtccc 120
 aatggatatg aatcaatagc cggttaccat ggctatccat tccctctgcc tgaacatggt 180
 gaagaccagt acgcatgctg tgtccacgga atgctgtat ttccacattg gcacagactt 240
 catacaatcc agtttgagag agctctcaaa gaacatggt ctcatttgg tctgccatac 300
 tgggactgg 309